

Attachments of #20



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 18 620 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 18 620.7
㉒ Anmeldetag: 21. 4. 98
㉔ Offenlegungstag: 28. 10. 99

⑤① Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// (C12N 1/21, C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 18 620 A 1

⑦① Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦④ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦② Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal

⑤⑦ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-
dieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen-Tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen-Tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrec99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen-tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.203	0.0819	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0201	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0111	0.0226	0.4909	2.0372	
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551	15
Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626	
Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371	20
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139				30
Servix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0253				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0182				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0377				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_r	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0090				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0042				

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0102	7.2459	0.1380
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0153	3.8136	0.2622	5
Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0654	0.0362	1.8064	0.5536	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0803				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0128				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0333				65

DE 198.18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0182	0.8223	1.2161	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.2542	0.0144	69.2517	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointestinal	0.0028		
Gehirn	0.0125		
Haematopoetisch	0.0118		
Haut	0.0000		40
Hepatisch	0.0000		
Herz-Blutgefuesse	0.0000		
Lunge	0.0108		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		45
Placenta	0.0000		
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0251		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0105	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0259	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0167	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0026	15.2544	0.0656
	Brust	0.0460	0.0056	8.1663	0.1225
	Duenn darm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0498
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0351		0.0026		13.7290	0.0728	5
Brust	0.0051		0.0038		1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0060		0.0000		undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0057		0.0046		1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0044		0.0000		undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0021		0.0137		0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	
Lunge	0.0021		0.0020		1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef	20
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0044		0.0021		2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0063						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0062						45
Placenta	0.0061						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0047						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0065						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0040						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0042						65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestenstinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ: ID: NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0226	0.9811	1.0192	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714	20
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0185				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0125				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0435	0.0338	1.2854	0.7779
	Duenn darm	0.0276	0.0165	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0120	0.0182	0.6579	1.5201
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0176	1.6496	0.6062
10	Gastrointestinal	0.0594	0.0231	2.5679	0.3894
	Gehirn	0.0333	0.0657	0.5062	1.9754
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0413	0.0275	1.5034	0.6652
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0384	0.0164	2.3497	0.4256
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0360	0.5235	1.9102
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0779	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0447	1.4136	0.7074
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.1014
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1293
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0338
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0301
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0624

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0468	0.0077	6.1018 0.1639	5
Brust	0.0294	0.0075	3.9130 0.2556	
Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122 0.8991	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981 0.5889	
Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599 1.0417	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0808	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0540	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0156	0.0082	1.9051 0.5249	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211 0.3967	
Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0274	0.0000 undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	20
Penis	0.1587	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189 1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834 0.5940	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0160			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0426			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0249	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0309	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0090	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0208	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0583

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ-ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.1209	0.0383	3.1526	0.3172	5
Brust	0.0333	0.0338	0.9830	1.0173	
Duennndarm	0.0215	0.0662	0.3244	3.0827	
Eierstock	0.0180	0.0234	0.7675	1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0802	0.5731	1.7448	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.1464	0.2382	0.6144	1.6275	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0904	0.2006	0.4507	2.2189	
Herz	0.0307	0.1924	0.1597	6.2617	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0177	0.0286	0.6169	1.6210	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0460	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0891	0.0240	3.7122	0.2694	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439	20
Pankreas	0.0248	0.0331	0.7479	1.3371	
Penis	0.0689	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0327	0.0106	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0866	0.0954	0.9074	1.1021	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				
Samenblase	0.4183				
Sinnesorgane	0.0588				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0426				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz+Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0185				
Placenta	0.0242				45
Prostata	0.1247				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0244				55
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0100				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duennndarm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0577	0.2953	3.3861
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.1294	0.0318	4.0643	0.2460
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Elutkoerperchen	0.0173			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.1376
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0399
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0442
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0307	0.0038	8.1663	0.1225	
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0230	2.5424	0.3933
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0149	1.4623	0.6838
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0543	0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0390	0.0128	3.0509 0.3278	5
Brust	0.0153	0.0094	1.6333 0.6123	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538 0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850 0.4024	10
Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515 1.8133	
Herz	0.0106	0.0137	0.7710 1.2971	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321 0.4921	
Magen-Speiseroehre	0.0870	0.0153	5.6724 0.1763	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272 36.7712	
Penis	0.0419	0.0800	0.5241 1.9079	
Prostata	0.0392	0.0298	1.3161 0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834 0.5940	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0389	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0333	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0153	2.7966	0.3576
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duenn darm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0300	0.0390	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0176	2.3288	0.4294
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0200	0.0298	0.6703	1.4919
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0339	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0270	0.0409	0.6604	1.5141
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0240	1.6419	0.6090
	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0359	0.0533	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0305	0.0255	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0272	1.9640	0.5092
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0470
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0150	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	
Gehirn	0.0177	0.0031	5.7597	0.1736	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	20
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				50

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0142	45
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	50
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	65
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	70
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	75
Uterus_n	0.0125	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000 undef	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850 0.4024	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0240	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810 2.0791	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			40
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			45
Herz-Blutgefaeesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			50
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			55
Brust	0.0000			60
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0000			65
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus n	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0130	0.6908	1.4477
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0416

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Elutkoeperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_r	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0307	0.0019	16.3327	0.0612	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	10
Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932	
Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901	
Uterus allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0077	60
Lunge	0.0410	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0250	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0041
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			55
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			60
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0310			
Uterus_n	0.0042			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171	1.6205	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334	7.4943	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0116				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0456				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0221				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust 0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
20	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0107
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0507
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0081	0.0010	7.9196	0.1263	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northem für SEQ. ID: NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	15
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Sanerblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Elutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				

FOETUS		
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus n	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			55
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			60
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0234		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0007		0.0000		undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0010		0.0041		0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef	20
Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef	
Prostata	0.0065		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0030						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointenstinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefaesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0077	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefäßes	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			55
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			60
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0061		0.0165		0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030		0.0052		0.5756	1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0075		0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0000		0.0046		0.0000	undef	10
Gehirn	0.0067		0.0051		1.2959	0.7716	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	
Lunge	0.0031		0.0061		0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0097		0.0077		1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0120		0.2856	3.5020	
Niere	0.0081		0.0068		1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0066		0.0000		undef	0.0000	20
Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0153		0.0000		undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0030						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061						30
Zervix	0.0000						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0064	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMÄL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	25
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				35
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0106				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0278				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0050				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T T/N	
Blase	0.0195		0.0000		undef 0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef undef	
Duenn darm	0.0000		0.0000		undef undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef undef	
Endokrines Gewebe	0.0000		0.0000		undef undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000 undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef undef	20
Penis	0.0030		0.0000		undef 0.0000	
Prostata	0.0000		0.0000		undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0089					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					30
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					40
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					45
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					50
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					55
Foetal	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					60
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0077					
Uterus_n	0.0000					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Elutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T T/N	
Blase	0.0390		0.0000		undef 0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000		undef undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef undef	20
Penis	0.0000		0.0000		undef undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0235					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					30
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					40
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0036					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					45
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					50
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0245					55
Foetal	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0057					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					60
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0858		0.0077		11.1866	0.0894	5
Brust	0.0102		0.0075		1.3611	0.7347	
Duenndarm	0.0092		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0060		0.0260		0.2303	4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0125		0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0038		0.0278		0.1381	7.2434	10
Gehirn	0.0022		0.0144		0.1543	6.4818	
Haematopoetisch	0.0013		0.0379		0.0353	28.3379	
Haut	0.0734		0.1695		0.4332	2.3084	
Hepatisch	0.0000		0.0194		0.0000	undef	
Herz	0.0159		0.0137		1.1565	0.8647	15
Hoden	0.0000		0.0468		0.0000	undef	
Lunge	0.0073		0.0164		0.4445	2.2496	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0230		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069		0.0180		0.3807	2.6265	
Niere	0.0163		0.0000		undef	0.0000	20
Pankreas	0.0066		0.0055		1.1966	0.8357	
Penis	0.0210		0.0267		0.7862	1.2719	
Prostata	0.0044		0.0021		2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0338		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0255		0.0000		undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128						
Prostata-Hyperplasie	0.0119						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0235						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0139						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0462						
Lunge	0.0036						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0051						
Endokrines_Gewebe	0.0245						55
Foetal	0.0128						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0227						
Hoden	0.0154						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0171						
Prostata	0.0068						
Sinnesorgane	0.0155						
Uterus_n	0.0000						65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS		
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	
		65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0077	7.6272	0.1311
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0062	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Elutkoerperchen	0.0009				30
Servix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0026	27.4580	0.0364
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645 0.1457	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289	10
Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796 0.1543	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0117	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540 3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965 2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0087			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0090			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0458			65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Cervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0102	6.1018	0.1639
	Brust	0.0141	0.0056	2.4953	0.4008
	Duendarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0050	3.7359	0.2677
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0139	2.2089	0.4527
	Gehirn	0.0214	0.0082	2.6099	0.3832
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0360	0.0137	2.6213	0.3815
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0041	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0548	0.2478	4.0351
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1246			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0273		0.0026		10.6781	0.0936	5
Brust	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Duennndarm	0.0061		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0025		0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gehirn	0.0229		0.0031		7.4396	0.1344	10
Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0011		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Lunge	0.0052		0.0000		undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0050		0.0000		undef	0.0000	20
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0044		0.0021		2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointenstinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefaesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0068	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0253	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0201	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0310	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointenstinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefaesse	0.0000 A	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				35
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				40
Zervix	0.0000				
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	45
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	50
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55
		60
		65

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	65
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	65
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0113	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0329	0.2025	4.9386
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0323	1.0294	0.9714
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestenstinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0697
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID: NO: 93

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T T/N	
Blase	0.0234		0.0000		undef 0.0000	5
Brust	0.0166		0.0226		0.7372 1.3564	
Duennndarm	0.0000		0.0165		0.0000 undef	
Eierstock	0.0270		0.0000		undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0238		0.0276		0.8645 1.1567	
Gastrointestinal	0.0115		0.0093		1.2425 0.8048	10
Gehirn	0.0089		0.0072		1.2342 0.8102	
Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef 0.0000	
Haut	0.0220		0.0000		undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143		0.0518		0.2757 3.6266	
Herz	0.0148		0.0000		undef 0.0000	
Hoden	0.0230		0.0117		1.9679 0.5082	15
Lunge	0.0218		0.0266		0.8207 1.2185	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef undef	
Muskel-Skelett	0.0120		0.0120		0.9994 1.0006	
Niere	0.0081		0.0137		0.5948 1.6813	
Pankreas	0.0149		0.0221		0.6731 1.4857	20
Penis	0.0180		0.0000		undef 0.0000	
Prostata	0.0240		0.0213		1.1260 0.8881	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229		0.0340		0.6734 1.4851	
Uterus_allgemein	0.0204		0.0000		undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0224					
Prostata-Hyperplasie	0.0208					
Samenblase	0.0445					
Sinnesorgane	0.0235					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					30
Zervix	0.0213					

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0103	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Häufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Häufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0709
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	15
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0116	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0194	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0155	
Uterus_n	0.0208	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn 0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0071
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0099
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0324
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0141
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0167

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667	3.7502	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426	
Hoden	0.0115	0.0585	0.1968	5.0816	15
Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997	2.0011	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493	4.0114	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0277	0.8661	1.1545	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0181 ^A				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duendarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0229	0.0062	3.7198	0.2688
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0142
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0175
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
60	Haut-Muskel 0.0389
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0251
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0310
65	Uterus_n 0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0166	0.0132	1.2638	0.7912	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895	
Endokrines Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944	10
Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121	
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905	20
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samerblase	0.0089				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0106				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				35
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0507				45
Niere	0.0247				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0042				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
15	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	20
Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefäesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0104	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0126	0.0123	1.0199	0.9804
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0102	1.4225	0.7030
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.1030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0192
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0324
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0121				45
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0259				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0077	4.0678	0.2458
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0118	0.0164	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0191	0.0275	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0239	0.0102	2.3370	0.4279
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.2762

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefäesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0179	2.8330	0.3530	5
Brust	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	
Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0174	0.0106	1.6378	0.6106	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0242				
Prostata	0.0748				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0816				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0097				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0230	0.0038	6.1248	0.1633
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0212	0.0137	1.5420	0.6485
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0340				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0706				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0667				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0140				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Flutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				
					35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
					55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				60
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1258	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0319	1.5013	0.6661
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0272	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0541

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
%Haeufigkeit			
Brust	0.0000		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0000		
Endokrines_Gewebe	0.0000		55
Foetal	0.0000		
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0000		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0000		60
Nerven	0.0000		
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0000		65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0819	0.0383	2.1356	0.4682	5
Brust	0.0473	0.0320	1.4811	0.6752	
Duenn darm	0.0460	0.0331	1.3903	0.7193	
Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190	0.8204	
Endokrines Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576	1.3199	
Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984	0.1725	10
Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557	0.8653	
Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000	
Herz	0.0382	0.0825	0.4626	2.1618	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0384	0.0184	2.0886	0.4788	
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416	0.4669	
Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808	20
Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986	2.0057	
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0610	0.0617	0.9883	1.0118	
Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.2206				
Prostata-Hyperplasie	0.0773				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0737				
Zervix	0.0319				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			50
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			55
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0030			60
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0167			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0077	4.5763	0.2185
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0391
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duendarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	20
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	25
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611	1.7821	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				45
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0142				50
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				55
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				60
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				65
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				70
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				75
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				80
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				85
Uterus_n	0.0083				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch 0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0507
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0162
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0125	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0126	0.0133	0.9415	1.0622	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	15
Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510	
Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142	
Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0191				30
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0076				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0120				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0749				65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0059	0.0154	0.3840	2.6043
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz 0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0300	0.0571	17.5100
20	Niere 0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0121			
	Zervix 0.0213			
FOETUS				
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0157			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0213			
	Lunge 0.0217			
	Nebenniere 0.0254			
45	Niere 0.0185			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
50	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0101			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0210			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0057			
60	Haut-Muskel 0.0259			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0387			
65	Uterus_n 0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	15
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz.

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992–4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgeführt sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit / Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.65	H.sapiens rap1b	193	1722	
2	100	Human zinc finger transcription factor hZF (EZF) Homolog	235	1187	
3	99.42	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a	221	1478	
4	99.98	H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	211	411	
5	97.54	H.sapiens mRNA for aminopeptidase	167	1775	
6	99.93	Homo sapiens secreted apoptosis related protein	252	3181	
7	99.85	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)	209	1984	
8	99.61	Homo Sapiens angiotensin II receptor	233	1702	
9	99.2	Human mRNA for RNA helicase (HRH1)	230	2067	
10	96.57	Human Hep27 protein Homolog	219	1302	
11	96.09	H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	211	1254	
12	98.99	H.sapiens rhoB	236	2548	
13	99.77	Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1	210	1673	
14	99.85	Human LIM domain protein CLP-36	247	1593	
15	99.98	Human TRPM-2	124	572	
16	99.74	Human calmodulin-1 (CALM1)	210	2520	
17	99.2	H.sapiens dermatopontin mRNA	216	1722	
18	96.56	Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP)	226	1648	
19	96.3	Human mRNA for alpha-actinin	206	1102	
20	95.44	Human nucleic acid binding protein	94	1610	
21	99.03	H.sapiens mRNA for GAS-3	304	1108	
22	97.54	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)	275	675	
23	99.99	H.sapiens mRNA for telokin Homolog	350	350	
24	99.06	Rat growth and transformation-dependent mRNA	152	746	
25	99.61	unbekannt	217	217	
26	100	Spombe chromosome I cosmid c18G6	248	392	
27	99.94	unbekannt	239	1796	
28	100	O.mykiss mRNA for myosin heavy chain	246	575	
29	98.21	unbekannt	245	2927	
30	99.85	unbekannt	233	743	
31	99.61	unbekannt	253	1667	
32	98.22	unbekannt	249	249	
33	99.03	Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67	249	1246	
34	97.54	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707	215	215	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
35	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	221	734	
36	99.03	Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2)	140	314	
37	97.54	G.gallus mRNA for RING zinc finger	196	1839	
38	96.57	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	188	1931	
39	99.03	C.salivus mRNA for lipoxigenase	186	294	
40	97.54	P.falciparum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B)	227	882	
41	98.22	unbekannt	179	179	
42	97.54	unbekannt	238	238	
43	97.54	Xenopus laevis RNA binding protein Etr-3 (etr-3)	307	934	
44	99.03	unbekannt	220	231	
45	99.99	unbekannt	217	669	
46	97.54	unbekannt	208	240	
47	99.85	unbekannt	228	228	
48	99.85	unbekannt	229	1229	
49	97.54	Drosophila melanogaster Dfz2	281	750	
50	97.54	unbekannt	223	231	
51	97.54	Human (c-myb) Homolog	221	1340	
52	99.94	Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2)	211	226	
53	99.03	unbekannt	234	611	
54	99.03	Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1)	204	689	
55	99.61	Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4) Homolog	270	560	
56	97.54	unbekannt	149	851	
57	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid D2021	225	1354	
58	98.22	unbekannt	218	268	
59	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid K07A12	217	752	
60	97.54	unbekannt	219	1389	
61	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5	94	726	
62	97.54	unbekannt	205	681	
63	99.06	Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780	244	1116	
64	97.54	unbekannt	226	226	
65	99.03	Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog	216	806	
66	98.22	unbekannt	241	241	
67	99.99	unbekannt	226	226	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
68	99.03	Chicken pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron	139	151	
69	100	unbekannt	226	2042	
70	99.61	unbekannt	147	147	
71	99.61	unbekannt	143	143	
72	99.97	unbekannt	219	2980	
73	97.54	unbekannt	227	227	
74	99.03	unbekannt	246	246	
75	97.54	Rat mRNA for V-1 protein	222	773	
76	100	unbekannt	293	293	
77	99.06	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	215	870	
78	97.54	A vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V	237	237	
79	99.98	unbekannt	439	439	
80	99.97	Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22	219	2483	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
81	97.54	unbekannt	200	202	
82	99.99	unbekannt	220	353	
83	99.2	unbekannt	223	1039	
84	99.03	unbekannt	214	270	
85	97.54	unbekannt	330	330	
86	96.57	Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zie)	235	235	
87	97.54	unbekannt	189	189	
88	97.54	Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog	168	866	
89	97.54	unbekannt	224	224	
90	99.94	Homo sapiens chromosome 16 BAC clone CIT987SK-815A9	231	846	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
91	97.54	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6	221	223	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
92	98.21	Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene	204	1374	
93	99.61	Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CIT987SK-A-575C2	224	761	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
94	96.09	unbekannt	225	1825	
95	99.85	Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3	240	1374	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
96	99.03	Caenorhabditis elegans cosmid T15B7	194	2615	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
97	99.03	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	233	508	
98	97.54	Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33	197	3588	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
99	99.65	Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein	197	1218	
100	97.54	unbekannt	125	1303	
101	98.22	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	211	2333	
102	97.54	unbekannt	211	1377	
103	97.54	unbekannt	223	315	
104	98.21	unbekannt	219	2355	
105	97.54	unbekannt	245	1339	
106	96.87	Genomic sequence from Human 13	204	3751	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
107	97.54	unbekannt	220	300	
108	99.03	unbekannt	210	1465	
109	97.68	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965	216	1488	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
110	97.54	unbekannt	231	783	
111	99.65	unbekannt	212	1045	
112	97.54	unbekannt	225	1386	
113	99.65	unbekannt	151	1747	
114	97.54	Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene	252	1526	
115	96.09	unbekannt	210	1205	
116	98.94	unbekannt	209	3968	
117	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7	220	798	
118	97.54	unbekannt	297	1068	
119	97.39	unbekannt	303	4584	
120	99.03	Rattus norvegicus AKAP95	243	982	
121	96.57	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1	253	742	
122	98.35	unbekannt	310	2330	
123	99.74	Bos taurus supervillin	282	1860	
124	96.09	B.taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A	301	807	
125	99.74	unbekannt	303	1932	
126	97.54	Thermomonospora curvata protein kinase PkwA (pkwA)	281	3024	
127	97.54	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X	300	505	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu

DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
24	128	5
	129	
3	130	10
25	131	
	132	
	133	15
26	134	
	135	
	136	20
27	137	
	138	
	139	25
28	140	
	141	
	142	30
29	143	
30	144	
	145	35
	146	
	147	
	148	
31	149	40
31	150	
	151	
	152	45
32	153	
	154	
	155	50
33	156	
	157	
34	158	55
	159	
	160	
35	161	60

65

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
35	162
	163
36	164
	165
	166
37	167
38	168
39	169
	170
	171
40	172
	173
	174
41	175
	176
	177
42	178
	179
	180
43	181
44	182
	183
	184
45	185
	186
	187
46	188
	189
	190
47	191
	192
	193
48	194
	195
	196
49	197

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
49	198	5
	199	
50	200	
	201	10
	202	
51	203	
	204	15
	205	
52	206	
	207	20
	208	
53	209	
54	210	25
55	211	
56	212	
	213	30
	214	
57	215	
58	216	35
	217	
	218	
59	219	40
60	220	
	221	45
	222	
	223	
61	224	
	225	
62	226	50
	227	
	228	
63	229	55
64	230	
	231	
	232	60
65	233	

DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	66	234
		235
		236
10	67	237
		238
		239
15	68	240
		241
		242
20	69	243
		244
	70	245
25		246
		247
	71	248
30		249
		250
	72	251
35		252
		253
	73	254
40		255
		256
	74	257
45		258
		259
	75	260
50	76	261
		262
		263
55	77	264
	78	265
		266
	79	267
60	80	268
		269
65		

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
80	270	5
81	271	
	272	
	273	10
82	274	
	275	
	276	15
83	277	
	278	
	279	20
84	280	
	281	
	282	25
85	283	
	284	
	285	30
86	286	
	287	
	288	35
87	289	
	290	
	291	40
88	292	
-A	-A 293	
	294	
89	295	45
	296	
	297	
90	298	50
	299	
	300	
91	301	55
	302	
	303	
92	304	60
93	305	

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	306
94	307
95	308
	309
	310
96	311
	312
97	313
	314
	315
98	316
	317
	318
99	319
100	320
	321
101	322
102	323
	324
	325
103	326
	327
	328
104	329
	330
	331
105	332
	333
106	334
	335
	336
107	337
	338
	339
108	340
	341

DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
108	342	5
109	343	
	344	
	345	10
110	346	
	347	
111	348	15
	349	
	350	
112	351	20
	352	
	353	
113	354	25
114	355	
	356	
	357	30
115	358	
	359	
	360	35
116	361	
	362	
	363	
	364	40
117	365	
	366	
	367	45
118	368	
	369	
	370	50
119	371	
	372	
120	373	55
	374	
121	375	
122	376	60
	377	

65

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
122	378
123	379
	380
	381
124	382
	383
	384
125	385
	386
	387
126	388
127	389
	390

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128–390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cgttgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaaatcttg gatactgcag gaacggagca 60
 atttacagca atgaggggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcag tagttttattc 120
 catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcgagt 180
 taaagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tggagatga 240
 aagagtgtga ggggaaggaac aaggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300
 cttagaatct tctgcaaaaat caaaaataaa tgttaatgag atctttttatg acctagtgcg 360
 gcaaatatc agaaaaactc cagtgccttg gaaggctcgc aaaaagtcag catgtcagct 420
 gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggct tgaagaactg ttgcccaatt 480
 caacagtgcc agcatttcaa ctttggttaa cctaccaaca tcttaaatgg actttcctgt 540
 ggtggtaccc ttaagagggc ggatgaaagc tactatatca gtttgcacat tctaatact 600
 ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc ctgaggtttg cagctggtaa 660
 aaccagaggc tacatccagt attactgcta agagacattc ttcattccacc aatgttgtac 720
 atgtalgaat atgggtgtact gtatacttta acatgcccc aactttgtat tggagagtac 780
 aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaaagt ccaaagagct 840
 cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900
 ttttaagaaa ttcaagggtca ttattattgt acaaaaataag cgctttgatt aacacagcta 960
 tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacgggt atcttgtctt taaaacatga1020
 agtcctttc agtataatgt cttagattaa agacggtgccc ttttaatatct gttgggaagg1080
 aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct tttttgttt acatagggaa1140
 caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaaca1200
 attltttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc1260
 tcaactgtgaa tcccttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacaggt1320
 ttagtatttt tgccgtgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttggtt gagatgttaa1380
 atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggagtaaat ttttaatacata tgtaattggt1440
 cacaaggcct aatttgcagt aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt1500
 atgcattaat gtttggatgt aaagattgtg tgtctatcca acagggagcc acagtattta1560
 aattgaccaa cctaattgta caactacttt gaggtggcca aatgtaaact aaaagcctta1620
 attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgccal680
 tgcaagggct tgcattataa aaaaaaacaa aaaaaaaaaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cggtctgagg aggcgggtctc ttctgtgcacc cacttggggc ctggaccccc tctcagcaat 60
ggccaccggc cggtgcacac cgacttcccc ctggggcggc actccccagc aggactaccc 120
cgaccctggg tcttgaggaa gtgctgagca gcagggactg tcaccctgcc ctgccgcttc 180
ctcccggctt ccatccccac ccggggccca attaccatc cttcctgcc gatcagatgc 240
agccgcgaagt cccgccgctc cattaccaag agctcatgcc acccggttcc tgcattgccag 300
aggagcccaa gccaaagagg ggaagacgat cgtggccccc gaaaaggacc gccaccaca 360
cttgtgatta cgcgggctgc ggcaaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420
tgccaaccca cacaggctgag aaaccttacc actgtgactg ggacggctgt ggatggaaat 480
tcgcccgtc agatgaactg accaggcact accgtaaaca cacggggcac cgcccgttcc 540
agtgcacaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcggacca cctcgcctta cacatgaaga 600
ggcattttta aatcccagac agtggatatg acccacactg ccagaagaga attcagtatt 660
ttttactttt cacactgtct tcccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
catggtcaag ttcccaactg agtcactctg tgagtggata atcaggaaaa atgaggaatc 780
caaaagacaa aaatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
ctaaatccga cttgaatatt cctggactta caaaatgcc aaggggtgac tggaaagttgt 900
ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttggggggagg gaagaccaga attcccttga 960
attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcaccttg tattctcttt accttctaaa1020
agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa1080
atagcctaatt gatggtgttt gtgagcttgg tcctaaagggt cccaacaagg gagccaaagg1140
tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

gcgaacccgc gcgctgcccg gtcctgcgct gccagcggg aggggctgga cccgcggtc 60
ctcctccctg ccggtcccca tccttaaaagc gagagtctgg acgccccgcc tgtgggagag 120
agcgccggga tccggacggg gagcaaccgg ggcaggccgt gccggctgag gaggtcctga 180
ggctacagag ctgccgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgcggg 240
ggctgtgagg ggagggcccc gggcgccatt gctggcgggtg ggagcgccgc ccggtctcag 300
ccgcgcctcg gctgctctcc tcctccggct gggagggggc gttagctcggg gccgtcgcca 360
gccccggccc gggctcgaga atcaagggcc tcggccggccg tcccgagct cagtccatcg 420
cccttgccgg gcagcccggg cagagacat gttgacaag acgcggtgc cgtacgtggc 480
cctcgatgtg ctctgcgtgt tgctggctgg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540
taccctcttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtc atcaagtacc cttacaaaga 600
agacaccata ccttatgcgt tattaggtgg aataatcatt ccattcagta ttatcgttat 660
tattcttggg gaaaccctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720
gaataactac atagccacta tttacaaagc catttgaacc tttttatttg gtgcagctgc 780
tagtcagtcc ctgactgaca ttgccaaagta ttcaataggg agactgcggc ctcacttctt 840
ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatgggttaca ttgaatacta 900
catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
ctcttcggtt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020
gggagactgg gcaagactct tacgcccac actgcaattt ggtcttgttg ccgtatccat1080
ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaal200
agaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaacl260
accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgccc1320
aggtgaagct ggcctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcata1380
tttcttctcg ggtgtacaag cctttttaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttggal440
atgcacagtt gtgtgtaaca gagttacctt aactcgtg 1478

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

```

gccacatttc cgggggttttg cggggcccg c gatgttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg ccggggcgct caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aaagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
actttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctcctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttcttg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcattggctg ccattctctac ttccatccct gtaattttcac agccccagtt360
cacagccatg aatgaaccac agtgcttcta caacgagtcc attgccttct t 411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

aaaatcctat gatagtataa ctttgcataa gcctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60
tcttatcaaaa gaaagagaat aaagtgtttt tttttttcag ttccacattg acattttttat 120
taacgccaac tgtttttttaa ttattttttt aaaacaatag cacaaaaatg tttcaaggaa 180
gcagtctcac aatctgatga ctttctgaaa taccgttaag ccacaccaa tatgaatttc 240
tgtaataaac acaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaaa aaaaggtagg gaaagaagaa 300
gggaatgaga ttttagattta aaactcattg gattaaatag gtgaggctta ttagtaggat 360
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt cttgtttttt taaaccagtt 420
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcacgc ataaaaatgaa 480
ccgggagaag ccagtgttga tactgttggt aagaggttca agagctggct tttcagacaa 540
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaggcc tggctgaaga tcttttttatt 600
tctattgtct cacctatata aatttcaggg ttcttataag tcattcttaa aaagaaaaaa 660
ataatgtata tcagttttct ttatttaattg tggctatgaa agatgtttcc ttattatttc 720
ttcatctcta agaaggacac cagggaatgg ggggtggggg tggaactaaa gggaggaaaa 780
aaaccagaac agggtaggtt tttgtttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840
gtcacacaga agggaaggca aggaggaaaa cttaactaca atccttggtt cagattgagt 900
tatgcaggaa tatatcttcc tgatcagtc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttggg 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc cttttgtgtt taaccatttcc1020

```



```

cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gctccttgca gaacccattt cacaaaaatg1090
ctcttcacca agaagcctct agtttccttt tggtaggtta taataacaga acatctgtcal140
ttaacagtag agtggttaaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaag tttcacagtt1200
tcgttatgct ctatttttatt actatcatat ttacattttt atttttttatt ttttttttgc1260
tgaattgctg attttccttt ttcaatagaa ttttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320
taactacatt cattgtccaa cccccactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat ccctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgctgaagga ggtactggtg1500
gatgctctca gcatctcgct ttagccaggc agcattcagc agaataatct cacaacactg1560
ctggatggta cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctcc1620
agccatttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
taagtgaac caagaggctg agaacaaact tccatttacc ctaaaaaata ataaatataa1740
tgctgcagcg ccccaatata atagtagtag gggga

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3181 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library.

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

cgggtggggg gggagcagg ggggacagt ccccggaac ccggtgggtc acacacacgc 60
actgcgcctg tcagtagtgg acattgtaat ccagtcggct tgttcttgca gcattccgcg 120
tcccttcctt ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccattttaga ttaggaagg ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240
aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa aggggggattg 300
ggcggaaaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttgttggg gtggatctat 360
tggtgatctc atgcctttca actagaaaat tctaagtatt ggcaagtcac gttgttttca 420
ggtccagagt agtttcttct tgtctgcttt aaatggaaac agactcatac cacacttaca 480
attaaggtca agcccagaaa gtgataagtg caggaggagaa aagtgcaggt ccattatgta 540
atagtgcagc caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgcccaca gtctttccgt 600
gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcatatgcc ccaaagtctt ggttccctatg 660
agcccggggc atgatctgat cccaagaca tgtggagggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaaccaca gtgagcctga gagagacggc gattttcggg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaaacacata gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaatttt agaacagtcc 840
agcaaatgac tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaatactc 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acacccactt atttttcaag 960
gttttaaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaaggc ctccctgatcc1020
gtccgaggct gcttcccaga ggagcagctc tcccaggca tttgccaagg gaggcggatt1080
tccctggtag ttagctgtg tggctttcct tctgaagag tccgtggttg ccctagaacc1140

```

```

taacaccccc tagcaaaact cacagagctt tccgtttttt tctttcctgt aaagaaacat1200
ttccttttgaa cttgattgcc tatggatcaa agzaattcag aacagcctgc ctgtccccc1260
gcacttttta catatatattg tttcatttct gcagatggaa agttgacatg ggtggggtgt1320
5 ccccatccag cgagagagtt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtaccct1380
gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcgatgta tataagccag ttcacttaga1440
caactttacc cttcttgctc aatgtacagg aagtagttct aaaaaaaatg catattaatt1500
tcttccccc aagccggatt ctttaattctc tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtc1560
cctctgggcc aatgcttata cccagtggag atgctgcagt gaggctgtaa agtggccccc1620
10 tgcggcccta gcctgaaccg gaggaaagga tggtagattc tgttaactct tgaagactcc1680
agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac1740
ctctcacagt tagtgatcct gtccttttaa cacctttttt gtggggttct ctctgacctt1800
tcatcgtaaa gtgctgggga ccttaagtga tttgcctgta attttgatg attaaaaaat1860
gtgtatatat attagctaatt tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag1920
15 agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagttcttg ttgattcact caagagttca1980
gtgctcatac gtatctgctc attttgacaa agtgccctcat gcaaccgggc cctctctctg2040
cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacgg2100
agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct aaatgggaat tctcaggtag gaagcaacag2160
cttcagaaaag agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
20 tctgtctcag agtcccagga ccttgagtgt cattagttac tttattgaag gtttttagacc2280
catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaaggag gctctctgta2340
ggcacagagc tgcactatca cgagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaacca2400
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggt ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgatttc2460
ctaattatcg ctagggccaa ggtgggattt gtaaagcttt acaataatca ttctggatag2520
25 agtcctggga ggtccttggc agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagttatct2580
tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt2640
aacacttggc tcttggtacc tgtgggtag catcaagttc tccccaggtt agaattcaat2700
cagagctcca gtttgcatth ggatgtgtaa attacagtaa tccatttcc caaacctaaa2760
atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tgggtgctgt gtcataactt catagatgca2820
30 ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac2880
tggccgttct gacctgttgc cagcagatac acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc2940
tagtttcttc ctgtagtact cctcttttag atcctaagtc tcttacaaaa gctttgaata3000
ctgtgaaaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgttgttt ttttaactgc attttaccag3060
atgttttgat gttatcgctt atgttaatag taattccggt acgtgttcat tttattttca3120
35 tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a 3181

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1964 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 60 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 65 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

```

gcaacatgtc tggcaccac attggcattc ctcacacgca gagattgcaa gggcaaatgc 60
cagtgaaggg gcacattttcc atccgctcca agtctgcgcc actgccctct gcggctgtc 120
accagcagca gctgtatggc cgtagcccat cggcagttgc catgcaggct ggcctcgcg 180
cactggctgt tcagcgtggc atgaacatgg gggtaaatct gatgcctact cccgcctata 240
atgtcaattc catgaatatg aacaccttga atgccatgaa cagctatcga atgacacagc 300
ccatgatgaa cagcagttac catagtaacc ctgcctacat gaaccagaca gcacagtatc 360
ctatgcagat gcagatggga atgatgggga gccaggccta taccagcag cctatgcagc 420
ctaaccctca tgggaacatg atgtacacag gccctcccca tcacagctac atgaacgctg 480
ctggcgtgcc caagcagtc ctcaacggac cttacatgag aagatgagca agatgaactt 540
gcaatcaaaa acttaaatat atataaataa aggaaccttt tatactgaca aaccagagaa 600
aaatggacct ttttccagtt aaaatattgc tgtagattta gaggaatfff tctttggttt 660
attttatfff ttagaaaacc tgatcttctc ttttttggg ttcattttgt tctgggtttt 720
ggttttcttc acaatcttga acattttaca gtagaactca tctaaaaatg gatttgggga 780
tggggaaaaa tgcacaaaat cttttcataa ttaaaaagag ccttactttc tttacatacc 840
acatggacag aatttgtgta aaagtgaatt atctttatff taaaatgtat gtttccctc 900
actgtttgca gctcccaatg ttgtcatttt taaatgttat atacatctca agggttaacc 960
agaccctttc ctccaaaccg aacctttcat ttctacttcc attccagcag gaggcactta1020
ggggagactc ggatggggac atggagaaca acccaagctc cttaaactat taaagtggag1080
caggaaaaatg cttctccttt taaaatcccc tccactctc acacacacac acctcttga1140
acccttcccc aagaatgttt ctttatagac ggacttccatt gaaatctttg ttgttcttga1200
atcaagtgtg atataatttt tttcttcttt tttaaaatat tccactcag cactcagaga1260
cacaaaaata ctgtaagtct caattaacag cagaatctca gagaaaagct gtttgcaatc1320
caaatccagc ctttggagga atagagatgg tcaattaaca atcaaaaaga ggagattaac1380
ctcttgtttt tttaaccact ggtgaatcag ccataacgca cacacacgcc acccagcctc1440
ttgtttctag tatgtacttt gaaatgctaa ctgaggggtc tgatgcttga gcctttgact1500
gataaaactc aaatagcagt cccagtgat ttgcctctta ggttctttct taaattgttg1560
gtggatgact gtacatttta gtgatttgaa aaataactga caaacattg aaacagttta1620
ttttatgttg gaagagatgg cgcagatgtg tgtcagaagg gagatcacgg tgtgagtttc1680
gtagctatfff aagtgataca tacctctagt tttgtatgt cttttgagat cctgagttca1740
tcccctgtga atcagagtgc acaagcacct ctctgtgag tggctaata gaagagggac1800
agaccgacca ccagcacagt agggcagatc tggacagcag aatgttataa cgcaagttca1860
tgtgtgtgct ccaactccat tctcttttct ctctgtcaac cagtttgccc attctcttcc1920
tattacttgc tccagggata ggtaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1964

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1702 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

```

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcctatt tgtggccctg 60
gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgctgggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120
gctctggact ggtgacgtgc caccocaact cctgggtgtt ggcttcctgg ctaatcttga 180
ctcctggaat cagtgggatc agtaaacacat caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240
ggaactcgag accagttggc gatgaccctt gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300
acttcaggcc ttggcattga gtcctctctc atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360
cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaag gtatttctgg 480
aaattttcat gtcttttaaa accccttggg aagttgcttc tgaagccagt gggggctcct 540
cagatagaga ggttccccct tcaaatccca gtgccgctct gttctctttc cttccccctc 600
cactccccct cttcttcttc tgtagagatg caagaaattg ctgtcccata aaaatcataa 660
ttgcagtagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720
tggctctggg ctgtgctcag tgtctttggc ctccagagaa aacttgaatg acttcctggg 780
ttcctggcat aaattattcc tggtagagac tgtggcttaa ctcacagggt tcccatcagc 840
tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900
ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gactttgggtg 960
ggattttgag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtccctt aggctgcaga1020
agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcaggctcag1080
cccaactgca tgcaaaagac caccatcctc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca1140
aggaaagggg aaacctacat gtgacctga ttttggtatg gcttgataga gttccctgaa1200
aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaaccctg1260
atgattttga aagccagggt gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg1320
tcttccctcc tgtggaatcg aggggaaatt attcttccca ataccttgat ttgattttca1380
gtttcataag cttcttcttc tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac1440
tggtcacctg gtggaacagt tcttgctctg ccttctaggc ttcacccag aaatccagcc1500
tctttctgga gaccccaaag ctggaggagg atgggctttc ctctgggcct ctcttcttac1560
tttgccatcc aactgctcc tggctaacc cagcaagaac caacaaatgg gtagggaagc1620
cccatcta at tggctttttt tcttcaatta tggacgtgca ttgttttggg tgggaacaaa1680
aggttttgga ggggagatgt gg 1702

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

gccgcagget cccggtgttc ccatttcgag aggagctcct ggctgtatt gcaaatcacc 60
aagtcctcat cattgaaggc gagacagggt cagggaagac caccagatc ccgcagtatc 120
tctttgagga gggttatata aacaagggtg tgaagattgc ctgcacccaa ccccgagag 180
tggctgccat gagtgtggcc gcccgagtgg cccgggagat ggggtgtgaag cttgggaatg 240
aggttggcta cagcatccgc tttgaggact gcacatcaga gcgaactgtc ctccgctaca 300
tgacagatgg gatgcttctc cgggagttcc tctctgagcc tgacctggcg agttacagcg 360
tgggtgatgtt ggatgaggca cacgaaagga ccctacacac agacattctc tttggattga 420
tcaaggatgt tgctcgcttc cgacctgagc tcaaggctct ggtggcttca gccacaatgg 480
acactgcccg tttttccacc ttctttgatg acgcccctgt gtttogaatc cccggacgca 540
ggtttctctg ggacatcttc tacaccaagg ctccagaggc tgactacttg gaagcttgtg 600
tagtatctgt gttgcagatc catgtgacct agccccctgg ggatactctg gtgttctctg 660
caggacagga ggagattgag gctgcctgtg agatgctcca ggatcgctgc cgcgcctgg 720
gctccaaaat ccgggagctc ctggtgtctg ccatttatgc caatctgccc tctgacatgc 780
aggcccggtat ctccagccc acaccacctg gggcacgaaa ggtggttgtg gcaacgaaca 840
ttgctgagac atcactcacc attgagggca tcatattatg gctggatcca gggttctgta 900
agcagaagag ctacaacccc cgcacaggca tggaaatcgt cactgtcaca cctgcagca 960
aggcctcagc caatcagcga gctggcaggg caggctcgggt ggctgcaggg aagtgccttcc1020
gcctgtatag cgccctgggc tatcagcagc agcttgagga aaccacagtg cctgagatcc1080
agagagaccag cttgggcaat gtctgtgtgc tgctcaagag cttagggatc catgacctaa1140
tgcactttga tttcctggac cctccaccat atgagacact gctgctggct ttggagcagc1200
tgtatgctct gggagccctc aaccaccttg gggagctcac cacgtctggt cgaaagatgg1260
cagagctgccc ggtggacccc atgctgtcca aaatgatctt agcctctgag aagtacagct1320
gttcagggga gactctgaca gtggctgcca tgctctctgt caacaactcc atcttctacc1380
gaccaaagga caaggtcgtc catgctgaca atgcccgtgt caacttcttt ctccctggcg1440
gtgaccacct ggttctgcta aatgtttaca cacagtgggc tgagagtggg tactcttccc1500
agtgtgtcta tgagaaatct gtacagtcca gatcgatgcg ccgagcccgg gatgtgcggg1560
aacagctgga agggctcttg gaacgtgtgg aagttggtct cagttcctgc cagggggact1620
atatccgtgt acgcaaggcc atcactgctg gttactttta ccacacggca cggttgactc1680
ggagtggcta ccgcacagtg aaacagcagc agacagtctt cattcatccc aactcctccc1740
tctttgagca acagccagc tggtgtctct accacgaact tgtcttgacc accaaagagt1800
tcatgagaca ggtactggag attgagagca gttggcttct ggaggtggct cccattattt1860
ataagcccaa ggagctagaa gatcccatg ctaagaaaat gcccaaaaaa ataggcaaaa1920
cacgagaaga gctagggtaa gagaaggacg taaacagaac ctgacaccag ctccctttcc1980
ttctatcatc tarrtaatac ctattaaata aaattatctt tgggaataaag cttgtgggaa2040
catttcggtt ctaqaaaaaa aaaaaaa 2067

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1302 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

ctcgagtgga acccatactt gctggtctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60
tgtgcccggg cttggaattc ggtgcggtat gccagctccg ggatgaccgg ccgggacccg 120
ctcgcaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggtct cgccatcgcc 180
cggcgttttg cccaggacgg ggcccatgtg gtcgtcagca gccggaagca gcagaatgtg 240
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacgggcac cgtgtgccat 300
gtggggaagg cggaggaccg ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcatggaggt 360
atcgatatcc tagtctccaa tgctgctgtc aaccctttct ttggaagcat aatggatgtc 420
actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggcggct cagtggatgt cgtgtcttcc 540
atagcagcct tcagtccatc tcctggcttc agtccttaca atgtcagtaa aacagccttg 600
ctgggcctga ccaagaccct ggccatagag ctggcccaa ggaacattag ggtgaactgc 660
ctagcacctg gacttatcaa gactagcttc agcaggatgc tctggatgga caaggaaaaa 720
gaggaaagca tgaagaaac cctgcggata agaaggtag gcgagccaga ggattgtgct 780
ggcatcgtgt ctttctctgt ctctgaagat gccagctaca tctactggga aacagtgggtg 840
gtgggtggag gaaccgcgtc ccgcctctga ggaccgggag acagcccaca ggccagagtt 900
gggctctagc tcctggtgct gttcctgcat tcacccactg gcctttccca cctctgctca 960
ccttactgtt cacctcatca aatcagttct gccctgtgaa aagatccage cttccctgcc1020
gtcaaggtag cgtcttactc gggattcctg ctgttggtgt ggccttgggt aaaggcctcc1080
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagtct accttggcaa agaccaagat1140
atttttctc gggccactgg ggaatctgag gggatgatgg agagaaggaa cctggagtgg1200
aaggagcaga gttgcaaatt aacaacttgc aaatgaggtg caaataaaat gcagatgatt1260
gcgcggcttt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

tgggccgccg ccgaaccccg cgcgccactc gctcgctcag agggaggaga aagtggcgag 60
ttccggatcc ctgcctagcg cggcccaacc ttactccag agatcatggc tgccgaggat 120

```

gtggtggcga ctggcgccga cccaagcgat ctggagagcg gcggtctgct gcatgagatt 180
 ttcacgtcgc cgctcaacct gctgctgctt ggcctctgca tcttcctgct ctacaagatc 240
 gtgcgcgggg accagccggc gccagcgccg gacaggacga cgacgagccg cccctctgc 300
 cccgcctcaa gcgcgcgac ttcacccccg ccgagctgcg gcgcttcgac ggctccagg 360
 accgcgcgat actcatggcc atcaacggca aggtgttcga tgtgaccaa ggccgcaaat 420
 tctacggggc cgagggggcg tatggggtct ttgctggaag agatgcatcc aggggccttg 480
 ccacattttg cctggataag gaagcactga aggatgagta cgatgacctt tctgacctca 540
 ctgctgcccc gcaggagact ctgagtgaact gggagtctca gttcactttc aagtatcatc 600
 acgtgggcaa actgctgaag gagggggagg agccactgt gtactcagat gaggaagaac 660
 caaaagatga gagtggccgg aaaaatgatt aaagcattca gtggaagtat atctattttt 720
 gtatttttga aaatcatttg taacagtcca ctctgtcttt aaaacatagt gattacaata 780
 tttagaaagt tttgagcact tgctataagt ttttaatta acatcactag tgacactaat 840
 aaaatttaact tcttagaatg catgatgtgt ttgtgtgtca caaatccaga aagtgaactg 900
 cagtgtgtga atacacatgt taatactgtt tttcttctat ctgtagttag tacaggatga 960
 atttaaatgt gtttttcctg agagacaagg aagacttggg tatttcccaa aacaggtaaa1020
 aatcttaaat gtgcaccaag agcaaaggat caacttttag tcatgatgtt ctgtaagac1080
 aacaaatccc ttttttttcc tcaattgact taactgcatg atttctgttt tatctacctc1140
 taaagcaaat ctgcagtgtt ccaaagactt ttggtatgga taagcactag gccgctgtcc1200
 cggtaaccaa_aatggaaatc ttccaaaaca ggaggtctag gctggccaaa aagg 1254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2548 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

gccgcagccc tcattctgcca ccgcagctctg gttggagctg ttgtcttgta tgctcagcga 60
 ggcccggaga gaccggggag agagctaggc cgagtcacc gcccgagtct gctgcccag 120
 cccgcgttac gcacaaagcc gccgatcccc ggcctggggt gagcagagcg accaccgccc 180
 gggagcagcg cggcgagacg caggtgctgc cctatgcccc cgcccccca ccgccccgc 240
 cgcgcagccc gaagcgacg gagagaacgc gccaccgccc ggcccggtg cagctagcga 300
 cctctctgcc acctgcgcgc agcccgaggt gagcagtga cgccgagcgg gagggcagcg 360
 aggcttctgc gggccccctc ctgctgccc ggcccggccc tcatggcggc catccgcaag 420
 aagctggtgg tgggtggcga cggcgctgt ggcaagacgt gcctgctgat cgtgttcagt 480
 aaggacgagt tccccgaggt gtacgtgccc accgtcttc agaactatgt ggccgacatt 540
 gaggtggacg gcaagcaggt ggaggtggcg ctgtgggaca cggcgggcca ggaggactac 600
 gaccgctgc ggccgctctc ctaccggac accgacgtca ttctcatgtg cttctcggtg 660
 gacagcccg actcgtgga gaacatcccc gagaagtggg tccccgaggt gaagcacttc 720
 tgtcccaatg tgcccatcat cctggtggcc aacaaaaaag acctgcgcag gacgagcatg 780

```

tccgcacaga gctggccgc atgaagcagg aaccggtgc caccgatgac ggccgcgcca 840
tggccgtgcg catccaagcc tacgactacc tegagtgtc tgccaagacc aaggaaaggcg 900
tgccgcgaggt cttcgagacg gccacgcgc cgcgctgca gaagcgctac ggctcccaga 960
5 acggctgcat caactgctgc aaggtgctat gagggccgc cccgtcgcgc ctgccctgc1020
cggcacggct cccctcctg gaccagtcgc cgcgagccc ggagaagggg agaccctgt1080
cccacaagga cccacccgc ctgcctggca tctgtctgt gacgcctctg gcttgccgca1140
ggacttgcg tgggcaccgc gcgccccat cccagtgtc gtgtgcgtcc agctgtgttg1200
cacaggcctg ggctccccc tgagtgcac gggtcccctg agcatgcttt tctgaagagc1260
10 cgggcctcag agtgtgtggc tgtgtgtctg ttgactccc ctgcgccat tttaccccc1320
ccccgcctc tgatccccg ggcgcgagat ggccgggag tgtggccgc ccccatcaga1380
tgttcgccct tcaccagcgg gagcttgata tcccttgtct gtaacataga ccccggtac1440
tgccgggaggg gagggctgct ggggaggatg gggggatgtt atataaatat agatataatt1500
ttattttcgg agctaagatg gtgttattta aggggtgtga tgggtgagcg ctctggccca1560
15 ggctgggcca gactcccgcc caagcatgaa caggacttga ccatctttcc aaccctggg1620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcgggcc1680
agcccgcctg gaaccctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgcg ctgtgggtt1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaaga1800
actgatgtta ttgtatttat ttaaaggcta aaatttggtt tttattctt tgcacaattg1860
20 tttcattgtt tgacacttaa tgcactcgtc atttgcatac gacagtagca ttctgaccac1920
acttgtacgc tgtaacctca tctacttctg atgtttttaa aaaatgactt ttaacaagg1980
gagggaagaa aaaccacta aattttgctt tgtttccttg aagaatgtgg caacactgtt2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcattgcac cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt2100
ggggcctatt ttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg2160
25 cacctctgta cagagaatac acctgccctt gtatatcctt tttccctc cctccctcc2220
cagtgtact tctactaaat tgttgtctt ttttttatt tttaaataaa ctgacaaatg2280
acaaaatggt gagcttatga tgtttacata aaagttctat aagctgtgta tacagttttt2340
tatgtaaaat attaaaagac tatgatgat acatttttat aaaagaaatc ttgtggttta2400
atagtgtgta aaaataacct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat2460
30 cctttcttcc caactcgtt tcccttatag caaatgtagt aaatgaggat gaagtccctt2520
tgagagcatg tgggggttg gtgaccaa 2548

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1673 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH.

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

65

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg gggctagata ttatgggtata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggtttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaag acaaaaagca gcttacaag atttgaccaa 180

```


taaaaccct cgagcccaca gccttatcag ctggggctga gggaagactg gtctaggtgc 240
 tgctcctgaa cttgggtctct gagccatggc ttcccataga cactcaggtc cctccagcta 300
 caagggtggc accatggcgg agaagtttga ctgccactac tgcagggatc ccttgcaagg 360
 gaagaagtat gtgcaaaagg atggccacca ctgctgcttg aaatgctttg acaagttctg 420
 tgccaacacc tgtgtggaat gccgcaagcc catcgggtgc gactccaagg aggtgcacta 480
 taagaaccgc tctgtggcatg acacctgctt ccgctgtgcc aagtgccttc accccttggc 540
 caatgagacc tttgtggcca aggacaaca gatcctgtgc aacaagtgc cactcggga 600
 ggactcccc aagtgcagg ggtgcttcaa ggccattgtg gcaggagatc aaaacgtgga 660
 gtacaagggg accgtctggc acaaagactg cttcacctgt agtaactgca agcaagtc 720
 cgggactgga agcttcttcc ctaaagggga ggacttctac tgcgtgactt gccatgagac 780
 caagtttgcc aagcattgcg tgaagtgcaa caaggccatc acatctggag gaatcactta 840
 ccaggatcac cctggcatg ccgattgctt tgtgtgtgtt acctgctcta agaagctggc 900
 tgggcagcgt ttcaccgctg tggaggacca gtattactgc gtggattgct acaagaactt 960
 tgtggccaag aagtgtgctg gatgcaagaa ccccatcact gggtttggtta aaggctccag 1020
 tgtggtggcc tatgaaggac aatcctggca cgactactgc ttccactgca aaaaatgctc 1080
 cgtgaatctg gccacaagc gctttgtttt ccaccaggag caagtgtatt gtcccgactg 1140
 tgccaaaaag ctgtaaactg acaggggctc ctgtcctgta aaatggcatt tgaatctcgt 1200
 tctttgtgtc cttactttct gccctatacc atcaataggg gaagagtggc ccttcccttc 1260
 tttaaagttc tcttccgtc ttttctccca ttttacagta ttactcaaat aagggcacac 1320
 agtgatcata ttagcattta gcaaaaagca accctgcagc aaagtgaatt tctgtccggc 1380
 tgcaatttaa aaatgaaaac ttaggtagat tgactctctt gcatgtttct catagagcag 1440
 aaaagtgcta atcatttagc cacttagtga tgaagcaag aagcatagga gataaaacct 1500
 cactgagat gcctctcatg cctcagctgg gacccaccgt gtagacacac gacatgcaag 1560
 agttgcagcg gctgtccaa ctcactgctt caccctgtt ctgtggagcc gggagaagg 1620
 accctactgg accatggcat ggggttaact ttctcatca ggactctggc cct 1673

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

ggggccagga cgccgccgg cgcgagtggt ctgccctgcg cggggacact cagagcccgg 60
 tgggcgggag gaagcgggca tgccccagac ggtgatctc cggggccctg cgccctgggg 120
 cttcaggctc tcagggggca tagacttcaa ccagcctttg gtcacacca ggattacacc 180
 aggaagcaag gcggcactgc caacctgtgt cctggagatg tcatcctggc tattgacggc 240
 tttgggacag agtccatgac tcatgctgat gcgcaggaca ggattaaagc agcagctcac 300
 cagctgtgtc tcaaaattga caggggagaa actcacttat ggtctccaca agtatctgaa 360
 gatgggaaag cccatccttt caaaatcaac ttagaatcag aaccacagga attcaaacc 420

```

attggtaccg cgcacaacag aagggccag cctttigtg cagctcaca cattgalga 480
aaaagacagg tagtgagcgc ttctataaac tcgccactg ggtctctatc aactagcaat 540
atacaagatg cgcttcacgg acagctgcgg ggtctcattc ctagctcacc tcaaacgag 600
5 cccacagcct cggtgccccc cgagtcggac gtgtaccgga tgctccacga caatcggaat 660
gagcccacac agcctcgcca gtcgggctcc ttcagagtgc tocagggaat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaacgcgg agtgtgagag ctccgggtgac gaaagtccat 780
ggcgggttcag gcggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtgggag tggcatagtt 840
ggtgctgtgg tgaaggcgcg ggataagtac cggcacccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
10 tgcaacctca acctcaagca aaagggctac ttcttcatag aaggggagct gtactgcgaa 960
acccacgcaa gagcccgcac aaagccccc gagggctatg acacggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccacccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt gggcagaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaa1140
gtcaaggctt tagaccttta tcctattgtt tattgaggaa aaggaatggg aggcaaatgc1200
15 ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actctttttg gggctagcaa1260
taatgatatt taaagcaata attttttcta tgctatactc cacaatttac atgtatatta1320
cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgaca1380
agttgatttt gcaattgtgg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcattgttag ggagaaattc cctgaatttc1500
20 ttttagttttg tattcaaaaca attatgccac tcgatgcaac aaacataata aatacataaa1560
agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1593

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 572 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

55 cattcttttg gcgtgagtca tgcaggtttg cagccagccc caaagggggt gtgtgcgcga 60
gcagagcgtc ataaatacgg cgctcccag tgccacacac gcggcgtcgc caggaggagc120
gcgcgggcac aggttgccgc tgaccgaggc gtgcaaagac tccagaattg gaggcattat180
gaagactctg ctgctgtttg tgggctgct gctgacctgg gagagtgggc aggtcctggg240
60 ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaaatgtcc aatcagggaa gtaagtacgt300
caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa360
aacaacgaa gagcgcaaga cactgctcag caacctagaa gaagccaaga agaagaaaga420
ggatgcccta aatgagacca gggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg480
caatgtgacc gtggtgggccc tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcat540
65 gaagttgtcg aacgggtgtt cagaaagtgg ct 572

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2520 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16 30

cgctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtattt acaatttcca tagagttggt ccccatcag 120
agaggtggtt aaatctccaa acagtttatt tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaaggcaca ctccagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttgga gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaagggata cagacagcaa agaatttctg tctcctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaata tctagtcact gccaaaggag aaatatattt aggatataca ataaataatt 480
caaagtctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaattt acattcgttg 540
ttcaggaaga gattcccagt atgctgaggg gtctcgtgga agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttaca gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaata tgtacaatag ctcatattca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaaattcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgc tcaaaagccc atctgaata tcgagatcca ttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa aggggttgcc aagtactcag 900
cagtttctta tggcaagtct caggctaaag caggatgcca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttcctctc acaaactcat1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctgggtc atcccccaa ataccagggc ggaaggctac1140
agtggattct gcctcacctc tgctcaaaac tggaaactcag cattccctgg agggggagg1200
tgtagggttt ctggttccca gacacgatcc tggccataca agaattcctgt ttcaaaggta1260
gtcttttagg atacgtgca ggaccactaa gaggccaccc agcttctaaa gacttgagg1320
ttagaaggct acatttcgaa aaaacaagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttgaaact1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa ctactcaaa ccaggaaacc tatctcacca1500
gaagagaaac cccaaggtaa ccttaggcat tcctttcaga ttcaggtaat tacaaaagcc1560
aacccttagc tcatagtgtc aacatctcct ctaccaacca ccagcccaa ggaccagtag1620
cagaagcaca tggcgatgt ctcccctcca ctgctctgac ccaccctctt ggcagaaaat1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc1740
tataaatcag cccctaatgc acccatttgg ctgccaaag ctctcactg ccttgctagc1800
agcctgccac tgttccttgg caaattgaaa ccaccacgc aaacactcaa aacccaatc1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tgcacatctc cagccttcat1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa agggggtttt acagggacca1980

```

atctcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagttttgg ttacagggtt ataattagac2040
acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100
tggggggaaa aaagcaaaagt caagtcaact tgggaaaaaa aaaaaaagga ggaggaggct2160
aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaagggtgac tggtagtgct ttttaggcat2220
gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg cttctaccac acacagcgaa gattgaatta2280
cagacacact aaatcatgtc tcttgcatgt ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat2340
cagcagcaca attgagaaca acccctaaat acatgcttga gagaaagtgg gttttttttt2400
tccttaagag ctctactgcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccccc2460
ctccccccag tgaaaatgca actagaccta catgttccat aaataggatg aagtcctctgc2520

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
aatggaacta cgcctgcatg cccacaccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtctgg 300
gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctga tcgggagtg gagtgttact 420
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggct 480
actatggtga ggaaatggac atgatttcct acaattatga ttactatata cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaa atctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cggggacagg aggggttcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagttttctg ctgctctctt tcttctctcc tgagctggta actgcaatgc caacttctctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaata aaatccaca attaaaccaa gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgta ggttccccac 1080
caaaagcagg ctttctgccc tgaggagcat ctccaccctc cctgtctcca catgagccat 1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggaggtg 1200
aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttctctg 1260
aattagaaga caaacgttag cataccagat aaggaaaatg agtgacaggg ccagggggaa 1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg 1380

```

DE 198 18 620 A 1

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaa1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1648 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcggatgc atcacggctc atcttccggc 60
tcagttcctc cagtgggtgt cgggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtctga gccctctcat agcpcatcgca 180
ctgaaaatat cccagattca tgagagaact ggccggaggg gacctactgt catcacotga 240
atagaggaaa gatcaetcac cagggccaaa gagagtgtct agcgggagat gcttctactga 300
tgcttctctt ctacctgttt gtgcctctta tgactttgga aaaacaaaag atattttgtct 360
tttgggggat agaggggtgg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420
tattctcca aatgcagcag gccctttagt tgtctgttaa agctgcacta taatttggtta 480
tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
taatcacaa atttgtgcat cacttgtgcc aagttagaaa atgttctaaa atcacagag 600
agaacagtgc cagaatgaaa ctgacctaa gtccaggtg ccctgggca ggcagaagg 660
gacactccca gcatggagga gggtttatct ttctatccta ggtcaggtct acaatggggg 720
aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccaccac ccgatggccc 780
tgctccccc atccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
ttgtacaaat cacaatggtg cacttccaac aaaatatatc aataggtgtt ttctctctct 900
attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatag cttctttcaa attcagccat 960
tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020
tggaggggat cttccttgga ttacatcaag tatgttggtta catgggttta tacaagttcc1080
tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aataggggcc1140
tatcttaatg cacttgtttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaggag1200
aggatgaaat gctgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattgggtg1260
gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtggggc ccctgccggc aagcagagtg1320
tcacagctgg ctttctcac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtal380
ctcagccagg acaccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440
gcacagtcac tcacctgcc atttgcggaa atgacctggt gcactttgac tgttaagcaal500
tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattccagat aaggtatttg1560

DE 198 18 620 A 1

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag gacttttagtg gccataaaaa1620.
aagaaattcc taatttcaac cttaaaaa 1648

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```
tgcgccgagg gctgggtccc accagggaga agcagaattt gccgcacatca tgagcattgt 60
ggaccccaac cgcttggggg tagtgacatt ccaggccttc attgacttca tgtcccgga 120
gacagccgac acagatacag cagaccaagt catggcttcc ttcaagatcc tggctggga 180
caagaactac attaccatgg acgagctgcg ccgcgagctg ccaccgcacc aggctgagta 240
ctgcacgcg cggtatggccc cctacacggg ccccgactcc gtgccagggtg ctctggacta 300
catgtccttc tccacggcgc tgtacggcga gagtgcctc taatccaccc cgccggccg 360
ccctcgcttt gtgcgcctg ccctgccttg cacctccgcc gtgcccacg tcctgcctgg 420
gttcggtttc agctcccagc ctccaccggg gtgagctggg gccacgctgg catcgatcct 480
ccctgcccgc gaagtgcagc tttaaaaaat tattttctgc aaaaaagaaa aaaaagttac 540
gttaaaaaac aaaaaactac atattttatt atagaaaaag tattttttct ccaccagaca 600
aatggaaaaa aagaggaaaag attaaactatt tgcaccgaaa tgtcttggtt tgttgcgaca 660
taggaaaaata accaagcaca aagttatatt ccatcctttt tactgatttt ttttcttct 720
atctgttcca tctgtgtat tcatttctcc aatctcatgt ccattttggt gtgggagtcg 780
gggtaggggg tactcttgtc aaaaggcaca ttggtgcatg tgtgtttgct agctcacttg 840
tccatgaaaa tattttatga tattaagaa aatcttttga aatggctgtt ttttaaggaa 900
gagaatttat gtggcttctc atttttaaat cccctcagag gtgtgactag tctctttatc 960
agcacacact taaaaaattt ttaatatgt ctattaaaaa taggacaaac ttggagagta1020
tggacaactt tgatattgct tggcacagat ggtattaaaa aaaccacact cctatgacaa1080
aaaaaaaaa aaaaaaactc gg 1102
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gaccgcgctg tggcgaggcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tgcgagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctgcgggcc cgctccgacg 180
cggagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgtt caagtgtgga cgatctggcc 240
actgggccc ggaatgtcct actggtggag gccgtggtcg tggaatgaga agccgtggca 300
gaggtttcca gtttgtttcc tcgtctcttc cagatatttg ttatcgctgt ggtgagctgt 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagagggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaac aggccatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tatagggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatttt 720
cctttgtcgc ccctcctttt tctgattgat ggttgattta ttttctctga atcctcttca 780
ctggccaaag gttggcagat agaggcaact cccaggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gtttagtttg gtagaggtgt tatgtataat gctttgttaa agaaccctt ttcctgcca 960
ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg 1020
ttccttgaac atgttcccat gtaggaggta aaaccaattc tggagtgctc tatgaacttc 1080
cataaataac tttaatttta gtataatgat ggtcttggat tgtctgacct cagtagctat 1140
taaataacat caagtaacat ctgtatcagg ccctacatag aacatacagt tgagtgggag 1200
taaacaaaaa gataaacatg cgtgttaatt gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct 1260
aaacaggaac aacttcacat cagtgttgat gttggacaca tagatggtga tggcaaagg 1320
ttagaacaca ttattttcaa agactaaatc taaaaccag agtaaacatc aatgctcaga 1380
gttagcataa tttggagcta ttcaggaatt gcagagaaat gcattttcac agaatcaag 1440
atgttatttt tgtatactat atcacttaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagttt 1500
ttaaagtca gatggaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaact 1560
attccaataa agctggagga ggaaggaggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

ggagggcgcg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga ggggtgaagct ggcggaacagg 60
aggatgggag tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcgagcagt ctgaatgccg gaatggataa ccgttttgct acagcatttg taattgcttg 180
tgtgcttagc ctcatttcca ccatctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtccagttc aagaaaattc cagtgatttg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcactttttc gatacaatgg 360
cacagtggga ttgtggagac ggtgtatcac catacccaaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaagg acagagtcac ttgatgtggt cacaataatgt gtgagtttca cactaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcggtgac agttcctttt accttttggt agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggggccttg atcggacttt gtgcttgcat ttgccgaagc ttatatccca ccattgccac 660
gggcattctc catctccttg caggctctgtg tacactgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gctccctgac aatgtatcog gtgaatttgg 780
atggctcttc tgcttggtt gtgtctctgc tcccttacag ttcattgctt ctgctctctt 840
catctgggct gctcacacca accggaaga gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc tttacaattg ccatttttat ttttttaaaa taatactgat 960
attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaac accccctaaa 1080
atttaagggg ggttacctta aagcgatg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

agggaaagag agagagaggc ctagacgaac acaatcacat gttttctttg ctgttcctcc 60
cgggatgggc ctgttttggg gtttgggact ctgaaccgga gcgggggttc ttcgcttgac120
tttgatcctg gtccttaaat gcctttcccc actccctccc cgtgggttca ggggccaagc180
ggccctcct cagagcacgg gcagcaccgt ctctggacc cctgtgtgcc agcctctgca240
gacgcagctg gtgggagga gcatggattt ggaggtggag aagtcactcc tggtcctcgg300
aggggtggg ctgtgtgcct agttcagtgt gactcgggga ttggtgagg cggaacaggt360
tctgaggcct cctagcctt ctttgtaaat tcacacgaga tagtccagg ctttccagcg420
cccagcttg atgataatcc tctgttcccc cactctaagg cctccttgag atttcttgg480
ggtctaccac gtcctctgcc tgtctccagg tggtaacagga gatgtggttc ctgtccctct540
cctgggtccc tagggggccc caggccccc cctgtagct ttagctgacc ccatggtggt600
gggtgtggg tctgtgcgcg tgctcaggta agcttgggg ctcaggtaa gcggtcccga660
agaacggggg gggag
675

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 350 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

agcagagcaa ggttgggttc gctcctctgg cagaacctcg gctctcagga ggtccttgtt 60
ccagggaaca gctgcttctc tgggggctgg ggcttctaac ttccctggca gccctcggc120
actaaccag ctggaacca ggggaacaaa cgccctggag tgccaaacc ttctgtgtcta180
tttttccag aaaaacggg gcaatggctg ttgaggagcc catttgggaa gaactggtgc240
ctctaattgg gcaaatggat tctgcagggg gctgcagttg ggcagggaaa attccttcaa300
acaaggggtt ccacccaaa ccaggcccc gcttcaaatg gccagaaaa 350

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ccccccctcc tccggttttt ttttttttat ttaagaaaat ttattttctac ttctacagca 60
gaaatacggg aatgggtacag gtttgggcaa atcatacttt atgaaatgga tcctcatacc120
acatcctttt taatacaggc acgttataac ataattcctg gattttcaaa atccagccaa180
cacggatacc tctgctactc tgttttgccc ttcatactctg ctctcctctt cagacgagct240
ttcttttcta agttcaagct tgttaaagtc tegtgtcttt gggcagcctt cttgccctca300
ataaccatga agatgcaccc taccaccgtc agggcaatca ttagatagct gatcttcact360
cgcaccttgt tctttgcagc atcaagcacc tccaacgaga cagtctctgg gatttcactct420
tcctttttga agcgacctga ccatatgagg atctttttct gccaatccgt aggtttgtgt480
aaaggcactc tgttgtaagt gcgggatgga gctccgggac ttctctgtgg ttttgtgcaa540
aatccattta ttctcttcaa atcagagctt ctggttaagcc ttagagatga ggaaacatct600
ctttcacata acctaaaaca gcttcctgct gccaggcgca gaccgctgag gctcccatg660
gccacttgct actccgcca ccagcgaga acttcgccg ggacgggtggc gctggtgagc720
tcaatgtcac ccagcggttg agtggg                                     746
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcacacctca 60
 gatggaggag ttatatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
 ccaaggaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
 gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac ctttttt 217

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

40

gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggcggctttt 60
 cggaaggcgg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
 aaacaagaat acctcaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
 tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
 gaagaagtaa cccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
 aagggagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360
 ttgcagggga ggcaggaaaa ggttgttttt tt 392

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1796 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

15  cggctcgaac gtattagttg ttcttaattt ttttcccagt aaaatatgga tcttttaaga 60
    agaattttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccattcgttt 120
    tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttggtc 180
    ttacttccta ccccttcctt gttctgcctc ttttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
20  ccTggaaaag aacccaaaga aaacctgagt ggacagggtc atttctggaa tgcagaaaac 300
    attttaaagg ctagattttt agaataattc caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
    ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact tccccctta 420
    ctaagtttaa gacttttgct atgtggtag tcaaataaga ccattttgat tgtaaacat 480
    aaaatagttc agcaagtagc ccacagttct ggcctaacag cagacttgct gttttcactt 540
25  ggTatcctcg agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
    ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
    gagacttgag gaaaatacag attttttggt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaa 720
    ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtccttgtaa gcttcccttg 780
    aaaatgtttt aaatatttag gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
30  taaattgtac taattgtaca aaggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
    atatgtgatg cagtgtaga aggaaaatac tcatctctaa cattatggta ataacattta 960
    gacctttagg agtggagca gggggatggg taattacaga tttgcagact atagaaagag1020
    tttcattttt ttgtgacccc acagagtcct aaatttttat ttcactacct gctagagcct1080
    actgtgaaat cactgtcca tatttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag1140
35  cttcatatgt ttacagttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc1200
    tggattttat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcatcattc ccatacacag1260
    aaacacaaaa cactttgatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat1320
    aatagagcca ctggtttaat gtttctctca gatagggttt agtgtaagct agtattctgt1380
    gtgttcgtag aaatgattca atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgctt1440
40  tttttatat agatgagggt caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaa1500
    agttagatcc cattagcact tgaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gtttaatttg1560
    atttgttact tgattcacct actgaccttt tcttttggtt gaagtgccta tcagcataat1620
    gagctaagtg tcatgcatat ttgtgaagaa acaccctttt tggtcctttt tgggacagag1680
    aggtactcct tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat1740
45  gtagtgaaat aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tcgacg 1796

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```
ctgaagagca gatcagaggc aggggaaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa 120
ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga 180
gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gagtcaactgc agaaagtgc 240
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc 300
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac 360
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaaactgca 420
ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaatgag 480
caccaggaa cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact 540
tgggtacca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```
gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtga 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt tccctcagcc tggaaaacat 120
attaatccca gtgcttttac gcccgaaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaag 180
ggagataaga aggatcctgg aactttaaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
gactggactt taaggggacgt cctgtgtcag cacaagggac tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga tacaaagact tagaaggaca gctcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaaag catcggtc 420
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcgttact ctgaaagctg gagctgcagc 480
```

```

acaccccttt tgtattgctc accctcggt aagagagaga gggctggag gaaaagtagt 540
tcattctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatltc ttctgcaacc ctctgcatlc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc ccgtttcact 660
5 atgctgttg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc acccccatgc cactattaga 720
ggcagccacg gaggacggaa agtgcctttg gtttctccgg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgaggg acactgggag gtctcgcgga attgagagat ccactctgga ggaaccaaac 840
cttcagccctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgccagccc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaaag accagcagcc 960
10 aggggctctc cgctgagat gatcagagat gaggggctct cagctcggtc aagaatggtg1020
cgtttccctt cggggtccag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacaga1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg1140
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctcttc1200
caccaggcag gtgagggaag aggcaagggt agaaggatca ccagcgaggg ccagatcctg1260
15 gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttctgaa gctggagaag1320
ggcaagtttg gcatggtgct gctgaagaag acgctgcagg tggaggagcg ctatccat1380
cccgttaggc tggaaagccat gtacgaggtc atcgaccaag gcccatccg taggatcgag1440
aagatcaggc agaagggctt tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccagggt1500
gtggcgagg ggaatgacgg tggaggggga gcaggaaggc caagcctggg cagcgagaag1560
20 aagaaagagg acccaaggag agcacaagtc ccaccaacca gagagagtcg ggtgaagggt1620
ctgagaaaac tggccgccac tgcaccagct ttgccccaac ctccctcaac cccagagcc1680
accacccttc ctctgcccc agccacaaca gtgactcggt ccacgtcccg ggcggtaa1740
gttgctgcaa gacctatgac caccactgcc ttccacca cgcagaggcc ctggacc1800
25 tcaccctccc acaggcccc tacaaccact gaggtgatca ctgccaggag accctcagtt1860
tcagagaatc ttaccctcc atcccgaag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc1920
aggaggccca gcaaggccac cagcttgagg agcttcacaa atgccctcc caccaccatc1980
tcagaaccca gcacaagggc tgctggccca ggcggtttcc gggacaaccg catggacagg2040
cggaacatg gccaccgaga cccaaatgtg gtgccaggtc ctccaagcc agcaaaggag2100
30 aaacctccca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat2160
gacctcagcc ggcctactgc ctctcagctg gaggacgagc tgcagggtggg gaatgttccc2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag2280
aaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaana gcaaatgaag2340
aagctgtaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa2400
35 acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tccaagaag2460
tcagtggccg acctgctggg gtcttctgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct2520
cccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc2580
aagatggcta ccaggaaaat ctctgtgatc accatcttcg gccctgtcaa caacagcacc2640
atgaaaaatcg accacttttc gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa2700
40 gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaaag agtacggaat gacctacaat2760
gacttcttca tgggtgctaac agatgtggat ctgagagtca agcaatacta tgaggtacca2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgatc gatactttcc agtcccgaat caaagatatg2880
gagaaccaga agaggggggt tttttttaa gggggaaaaa cgcccc 2927

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttggtgggt gtgtggggtt ttttgagggtg ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttctgtatc120
gatctgcaga caccagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggttcg180
agacctccaa catacttgtc tgaagctcgt gccgctggcc atggcccctc tgccaagcct240
gtgtgcgatg cccttggtgc tttagtgcga gaagcctagg ctccagaagca cagcagcgcc300
atctttccgt ttcagggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactat1360
acctacgtat aaagt11tag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cactttttaa420
tttgacattt atttttttt ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt480
agagctgggt agagaggagt caggcgccct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaagg600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaa720
tagggagggt aagaaaaagg gcg 743

```

10

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

41

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagctccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaaa tctttgcact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggtttttaa gtgtggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcat11taag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatgatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattaggt aatattttcc tcatttcttt actgctgcca 600

```

55

60

65

```

ttttctcac cagtattcca gagatgggtca tagctcatta ctctaccacc aagaacctaa 660
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc ttaaaattgt tctctctgt 720
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
ccttctagt gtttgaaaat gttaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
ctatagtgtc ccactctatc tgtaaagatc atttggaaga ctttagactc tattaatttt 900
aaaaggaata ttatttagcc atatgcagaa tttctaata tgatattgta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagtggt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta 1020
cttgatttac aaaaatgtac atttagagaa ggttaaaaaga aacagtgaga aatgtaaaca 1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt ggaataaatt atcagagaca tgcaactga 1140
aatgtctcac ctttcatcct ttttcttaa ttcataaagt tatcttgtag aatttgatga 1200
gacctctcta gtcattctca actggggcgg tgctgtcac gaatgggtgt tgagagtgt 1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggt ggcatttgct gccagtgcc 1320
aggaatagta acattatgaa tgccagggac agtgtgctca gtaaagtctt ccatacaaaa 1380
ggggcagggc acgggtgtc acgcctgtaa tcccagcact ttgggaggcc aagggtgggc 1440
gatcacctga tgtcaggggt tcgagaccag cctggccaac atggtgaaac cctgttgcta 1500
ctaaaaatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaacccca gctactagg 1560
aggctgaggc aggagaatca cttgaacccg ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg 1620
caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgagacttca tctcaaa 1667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

cgtggtaggc acttcatcag tgtttactga ttgaaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ccttttacag ctctgacct acctcattta atttgctgct tttaatctac 120
gggggctgag aatttgtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag 180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaagaa tgcatggact tcatgacagc 240
tcttttgggt
249

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatgggt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgaatgaaact aatttttttt ctttaagac atgcactctt 240
gagtcctaca gtaactgagt gttgttttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttgta accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattcttaaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaagct gatttttatg gcatacacaa 600
gaatgccact ttttctttta ttcatacca ataattttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaaata tgaaagattt 720
ttatatTTTT tcactgggaa gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcgt 840
agtatataga acaatatccc atataaataa gtttagcctt tataaaaaatg aagttgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaacattt aaatgtaaat 960
ggtttcaaat ggtcagcgtt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgttaatgct1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat1080
taaatttgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaaata gcactaaaacg ttttctttct1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa1200
aaaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246

```

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 215 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttgatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tccaagagg 60
tgctgtatatt ttaagaaatg gagtttatatt aaataatagt taagcttggtg cccatgttggt120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
gaaataaaac taggaaatgg agagggggggg agaga 215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctgccgggg gcttggggct cggcgctcggc ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggcgcgagc tgggagtcgg gtgcgcatgt cggcggtga acgagcgcgt gcagcaggct120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa180
accaaaccctg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaattctgtc tttgtgtcct300
gagatcaaat ggcacttcat tggccaccta cagaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
gtccccaatc tcttcatgct ggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaagtgaac420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatgggtcca gattaacacc480
agcggagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
ataaacgcca agtgccttaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgtc cccggaagag660
actgtggtaa aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcagtgccg720
tctgtaaact gcaa 734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 314 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36 30

```
gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tgggtgtggag gtacagagct agaccagcac tggccctcc agccccctgg tagcctctgc120
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
ttctgcctct ctgttttggg atcgccctcc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg240
tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
aaagggatga cttt 314
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37: 40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1839 Basenpaare 45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

g c g g g c g a g g   g c g g a g c a a c   a g a g c g g c c g   g g a g t a a g g c   g g a g t g a g a g   g a g g a g c t t g   60
a t g g a a g c g t   g c g a g a a g g g   g c g t a a c t g a   t t t g g a a a c c   a g a g g a a a g g   c g c t g t t t t c   120
a c c g a a t t a g   a a t c g c g g g a   a a a t a g a g a a   g a g t t t g t t t   g a a g g t c t c g   c g a g a t c g a g   180
t g a g t a c g g c   t c g c c a a g t t   g g a g c g t c t   c g c g a t a g a c   a c a g c a a c t a   t t c a g c t g c g   240
a g g g g a c g g g   a g a g g t g g t g   a g c a c t c t c g   c g a g a t t t g a   a g g a g c g g c g   g a g g c c a g a g   300
g g a g g a g a g g   a c c g g a a g t c   c t t c a t c t c a   a g c a t c c a a t   g e t g a a a c g g   g c c t g a t t t t   360
c t c t a c c g g a   a g c c c t t t t c   c a g a g g t g g   g a a c a c g g c c   c a c c t a g c a g   g a a g t c c c a c   420
c t c c t t g a g c   t c c g c c a c c c   t t c c c g a a g t   t t t t c t g t c a   c c t g t g t t a g   g e t c c g t c c c   480
c t t t c c g c g t   t t t a t c c c c g   t a c c a g a a a a   g g a t a c a t t t   a g t g c c t c c c   a c c c a g c t c c   540
a c t a a a c g g c   c t t c c c g c t t   c c t g t g g t t g   t g g c c g c t g t   g e t g t g g g g a   g c g g c c c c g a   600
c c c g g g g g c t   c a t t c g a g c g   a c c t c g g a c c   a c a a t g c c a g   c a t g g a c t t t   g c a g a c c t t c   660
c a g c t c t g t t   t g g g g c t a c c   t t g a g c c a g g   a g g g c c t c c a   g g g g t t c c t t   g t g g a g g c t c   720
a c c c a g a c a a   t g c c t g c a g c   c c c a t t g c c c   c a c c a c c c c c   a g c c c g g t c   a a t g g g t c a g   780
t c t t t a t t g c   g e t g e t t c g a   a g a t t c g a c t   g c a a c t t t g a   c c t c a a g g t c   c t a a a t g c c c   840
a g a a g g c t g g   a t a t g g t g c c   g e t g t a g t a c   a c a a t g t g a a   t t c c a a t g a a   c t t c t g a a c a   900
t g g t g t g g a a   t a g t g a g g a a   a t c c a g c a g c   a g a t c t g g a t   c c c g t c t g t a   t t t a t t g g g g   960
a g a g a a g c t c   c g a g t a c c t g   c g t g c c c t c t   t t g t c t a c g a   g a a g g g g g c t   c g g g t g c t t c   1020
t g g t t c c a g a   c a a t a c c t t c   c c c t t g g g c t   a t t a c c t c a t   c c c t t t c a c a   g g g a t t g t g g   1080
g a c t g c t g g t   t t t g g c c a t g   g g a g c a g t a a   t g a t a g c t c g   t t g t a t c c a g   c a c c g g a a a c   1140
g g c t c c a g c g   g a a t c g a c t t   a c c a a a g a g c   a a c t g a a a c a   g a t t c c t a c a   c a t g a c t a t c   1200
a g a a g g g a g a   c c a g t a t g a t   g t c t g t g c c a   t t t g c c t g g a   t g a a t a t g a g   g a t g g g g a c a   1260
a g c t g c g g g t   a c t c c c c t g t   g e t c a t g c c t   a c c a c a g c c g   c t g c g t g g a c   c c c t g g c t c a   1320
c t c a g a c c c g   g a a g a c c t g c   c c c a t t t g c a   a g c a g c c t g t   t c a t c g g g g t   c c t g g g g a c g   1380
a a g a c c a a g a   g g a a g a a a c t   c a a g g g c a a g   a g g a g g g t g a   t g a a g g g g a g   c c a a g g g a c c   1440
a c c c t g c c t c   a g a a a g g a c c   c c a c t t t t g g   g t t c t a g c c c   c a c t c t t c c c   a c c t c c t t t g   1500
g t t c c t t a g c   c c c a g c t c c c   c t t g t t t t t c   c t g g g c c t t c   a a c a g a t c c c   c c a c t g t c c c   1560
c t c c c t c t t c   c c c t g t t a t c   c t g g t c t a a t   a a c c c c c c a c   a c a t a c a c c t   c t g g t g a c c t   1620
a t t t g c a c a g   a c c g t c g t c t   t c c c t c c a g t   c t t c t g a g g g   a t a g g g g a c a   t t c c a t c c c a   1680
a g c t t c t c c c   t t a c c c a c a c   c t a t c c t t t t   g a g g g g c t t t   g g g g t g g g g c   t g g g g c a a g c   1740
a g a g g g a c t g   g g t c t t c a c t   t c t t g g g c t a   a t a a a a t t g t   t t c t t t g t g g   a c t a a a a a a a   1800
a a a a a a a a a a   a a a a a a a a a a   a a a a a a a a a a   a a a a a a a a a a   1839

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cagccgcgcg ccacccctct ttgtgtgctt tggaagccg cggagctggt ggtggctaca 60
 gttggtgttg ggggcttagg cgagggacgt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240
 gaaagggaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggagctg ttgctcctgt gcaagaagaa 300
 tcagatcttg aaaaaaaag gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360
 ccagaatccc ccattgtccc tctcctatg tctccatcct ccaaactctg gagcactcca 420
 agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggcgcgctg gatctagacg aggacctatt 480
 aaacttgaa ttgctaaaat cacgcaagtc gactttcttc ctcgagaaat tgtcacgtat 540
 acaaaggaaa ctcagactcc agttatggct caaccgaag aagatgaaga ggaagatgat 600
 gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaaagat 660
 gaggaatg atagtaaagc tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720
 ttgactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780
 ctttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagattttgga agacaagaa 840
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaactgac aattttttga cgaacgttgg 900
 tcaaagcatc ggggtggttag ttgtttggat tggtcatctc agtatccgga gttactcgtg 960
 gcttctata acaacaatga agatgccct catgagcctg atggtgtggc ccttgtatgg 1020
 aatatgaaat acaaaaaaac taccacagag tatgtgttcc actgccagtc agctgtgatg 1080
 tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgttgttg gtggtacata ttcaggccaal 1140
 attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaagaac tccactgtca 1200
 gcagctgcac acacacaccc tgtatatgtt gtaaatgttg ttggaacaca aaatgctcac 1260
 aatctgatta gcatctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc 1320
 catccacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct 1380
 atgtccttcc ctgttgagga tgtcaacaac ttgtgtgttg ggagtgaaga aggttctgtg 1440
 tacacagcat gccgcatgg cagcaagct ggaatcagtg agatgttga ggggcatcaa 1500
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttgagg cagtagactt ctcacatctt 1560
 tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga caactaagaa taacaagcct 1620
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtgtgc acctaccac 1680
 ccagccctgt ttgcctgtgt ggatggcatg gggagattgg atttgtggaa tctcaataat 1740
 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggta atcctgctct taatcgtgtg 1800
 agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcggga ttctgaagga caagtttgt 1860
 tattttgcga tgttgggagg agcagtttgt tgggtccccc aatgatggat tggcgacggt 1920
 tggcccgacc c 1931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 294 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttggttt gctgaaacta gtccaaaaca 60
ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
atthagggaa agatagaact agaaaggctt ttcattataa ttccatgttg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttggg ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgccacat ctctaggaca ttaa      294

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

tttttttttc tcattaacaa agcagtcaat tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgacatccat ttttaaattt180
ttttgcacaa gtccttttct attcaatttg gtaaagccag ttatacatac taatgtgtac240
tgtgagcttt cagaagggtt atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
aatagtcttg gatggtgggg ggaggatggc cagcgagact tgatgcagga gagggaaata360
ttctttcctg gggaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aaccctacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actaggaaga aagttttgtc tttttgattc480
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540
ttcttgtgta ccactttatg ttgatccaca gagtgctttc ttataatgtg atacaattag600
gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accaggagaa aggcagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggaggaat gtggacttgg720
cactggcctt tcagcgttta ttgtctctcg tgaatatttc aagtctgata gccagggtcg780
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgcgg840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca      882

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

30

ctttttccca gtttatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
aaacag:ggg ttgaagacc cactgccacc ttgatggact ggccctttg agtctgaatc120
cccggcggt gtgacctgg acccaaccgg tagctgggcc aactccagt aattcacc 179

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 238 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

DE 198 18 620 A 1

```

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat gtgttacggg ggtcaaaagt tcccaagagg 60
tcctgtatatt ttaagaaatg gaattttatt aaataatatt taaagcttgt gcccatgttg120
ggcgggcaac ttttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcattttaag180
5 gaaataaaaag tggaattga atatgggtgg catgttgtac ccgttttagtc tcttatgt 238

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 934 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

ctcgcgccgg acacagggag cagcgagcac gcgtttcccg caacccgata ccatcggaca 60
ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag120
agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180
taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa240
gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagtagca gattctagta aaggaccaga300
tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg360
acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420
45 tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc480
attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggac cactcactgg540
tctcaataga gggtatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600
taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcattctcagt660
tgccaacaat aggttttttg tgggctctat tctaagagt aaaaccaagg aacagattct720
50 tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840
ccaggcaagg cgtagggttaa ttgagtggta aagtcaagg ctggggggaa tgttggaact900
gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gtcc 934

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggttaaagg ttggggggat atggagatgg120
atgagagggg gctgtctggg aaggctttgc ttcacttggg ttagagtagg gttgcgtgag180
gaaacaggtg tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaa c 231
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccctt gaacatttgg 60
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaa120
cccatttatg atttgctgtg tcctgtaaga gtcgaggatc ctttcctatc aactgcctga180
tatcatcttc aggaagcaag toccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240
ttaaattgga agcattctta attatgcacg taaatttaaa agaagataat ttcaaaacag300
```

60

65

DE 198 18 620 A 1

```

tgctttcttt cccttggttt catcattttc atattcttaaa ccaaat+acc tccgtatctg360
acaacagcat catctacctc agtcatttagg atttcttaat aaaaaagaga ttgtatfttt420
gacttggtta ttaagattat taaaatttagc ccttcctttg aaatatgaca tcagctttgc480
5  tgttctaaat ttaaaattag ttgcttcac agtaccacac ttccagtttc tataccaagc540
cagtctcctc agttttccca ttagaatgga caggttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600
tgcttcacgc agagagtttg gtcatagtat taaagagaaa atacagtgag gtcacaatgt660
ctccagagc 669

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

cgatcacgtt ttcacatgat gtcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60
ataggtggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120
atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccccag gtttggtgtt cctggagtgg180
45  ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtccctgcctc ccgacactct240

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
 ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
 cagctataca actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
 atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1229 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggccctagtag tagataatat 60
 atggccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaaagc cattttggtta accacactag 120
 tgagatttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
 atatttgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac ccctatttcc 240
 tataaggata tccagagaag ccaaactggt ctgtgggttt gggaatggtc atttcccggg 300
 aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
 attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gcctcgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
 ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
 acgggtaggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gagtattaca gagtggtaga 540
 atcggtaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
 tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcctttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
 tcatattttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
 caagaacaca tgaaattctt ttaacaccag attagtgtgt taccctaaat gaacggttct 780
 agccctctat taagaaataa agggaccata agcatttttg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
 ctacttaca gagtcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
 caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctcaggatc 960

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

```
tgtgttgact ctggcattta gtggcctttgt gaaggaaaga aaccattaaa tgacctgaca1020
aaaactgact catgtcttta aagtagttga agcactttt aggaatgta ctctcggtty1080
cttttgtcta attctaattg gctttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg1140
taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgttgtg gataaagtat ccagtcactt1200
caggtttccg tggaagggtt ttattgggg                                     1229
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60
cctgaaattc agagtgttaa ctttgtagac cctgcacaat ctcttggtgc tatctagcca120
ttaccccat ttttttttta aaggccatct gaaattccat ttgtcatggt gggaagcatt180
ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tcccaagagg tcctgtattt240
ttaagaaatg gaatttatll aaataatatt taagcttgtg cccatgttgg ccgggcaact300
tttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt ttcatcttg tcattttaag aaaataaaac360
tggaattga atatgggtgg catgattgta cccttttagt tctcttattt ttctactcct420
ctgtccctct ataactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatgatc480
tgtttttttg ggtttttttt ttttaagaaa ttttttctact ggttttctgt gactctctaa540
acacttcac gaaactagga agactgaatt atgagggaaa ctatttgga ttagtggcca600
gaaacgatga aatcttatag atcttttgac agtttctctg ttttagggga gcctaggact660
gatatccaag tttcttccat atccaagctt cattggggga ccccatcttg gctttaacag720
gtgaccgggc cctctttacc gggcttccag                                     750
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gaggccggga gtggaacccc ctctttttag aaggttgcc gactcagaga cacagaaacg 60
gggccaggga tggggagaga tgtggagtga gggaagggtt gcatttgaga aaggaagttc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttgcc180
tcctaataat gggaggtcag ggccagggtc tcgggcatag ggagagggtc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca ttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
ggatatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
aaccatttta gccttttact tatactcgtt agaattccag tgatcatcct aataagggtat 180
atttcagaat aatttttttt tcttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgttaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgta agtccctaag 360
agattacatg ctagggttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

DE 198 18 620 A 1

```

cttcaactat ccacataaagc taggctttcc gcttttgcga cggacagtgt gaccaagata 480
tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcc cttctcttct taugctccag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
5 aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccateaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
10 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttgagtal1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
tgggcaacag agggagaccg tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaal1200
15 aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattcctttal1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagagal1320
aaaagtggaa ccctatcaca                                     1340

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

```

gccagatttc cgggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agaggttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caaggtgaaa atgcccctg cgggggcgtc cagcggagtc ctgccagctg120
tccggcggtg ggggtggacgt ctgatttatg aagggtgccca tccacctatc tgagtacctg180
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt 226

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 611 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct ccccaggccc cgccgctgcc gcagtcattg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgctc tgctgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagcccccag agcggagctcc caccctccata tacagccatt240
gccagtcagc acgcccagtg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300
aatttgatg gcaagcttca ccagcatgtg gtttaagtga cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa acccccacac aggcagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atgtgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttgccc cagtaatgct ttttctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgcccaa540
tcccacccag aagggtacaa gggtcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tgggatggga c 611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

```

tgggcggccg gtagctgttg ctgttggggg accgctcat tccgcccgt gcgctccgtg120
ctgcctcatg ggggccatcg gagttcacct gggctgcacg ccagcctgtg tggccgteta180
taaggatggc cgggctggtg tggttgcaaa tgatgccggt gaccgagtta ctccagctgt240
5 tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aaatatattca aatacagtaa tgaaagtaa gcagatcctg ggcagaagct ccagtgatcc360
acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgtttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttggt aaccacagaag atgttgccag480
actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaata540
10 ttagattatt actgtcccgt ttgattttgg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttgcg attaatcac gaaccgtctg cagctcttct660
tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcaca aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatacg tcaccaaatg gcagaggaca gcaaagcaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaattattacc atactcacat cccaacatc ttccagaaaa180
tacaagagag cggaggaaaag gaggattgtg agaattggag agtccatgaa gacatatgca240
50 gaggttgatc ggcaggtgat cccaatcatt gggaagtgcc tggatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aaatgattca cagctggtta tagaagctta taaatcaggg360
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
55 aaatccaaaag gaaagttatg gccgttcac aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
gggggcccat tcagcttcag 560

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctgggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180
ttgctgagag agtggaacat aggtcctaga cagggtgaaag agttctggca catttttagct240
gctactttga gacctcggtg atgttacctg gtgtgggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtttg cattttttta atcccctctg tttaaaagggt ttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagtgaat tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag ttttgtccat gctgggtgct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcacctaaa tccatctgac tacttgttcc720
tgtgccctct tgtttttaggc ctggtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatggt gtaattttta ctatttaaag tcaacttggt aagtttttaa aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaa a                                     851
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

5
10 cttaccaaca gcctttctgc taagttctgt tttttggata tttatgactt ggttcattctt 60
    attttttctt gatattagcag gagccctttt ctatttcagt ttcattttca gcatagtagc 120
    cttttctatac tttttctata agacttgggc aactgatcca ggcttcacta aggtttctga 180
    agaagaaaag aaagtgaata tcatcaccct tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240
    attttgtaca tcatgtctta taaggaagcc attaaggtca ctccactgcc atgtatgcaa 300
    ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacgggtgca taggttttgg 360
    caaccatcac tattacatat tcttcttgtt tttcctttcc atggtagtg gctggattat 420
15 atattggatct ttcattctatt tgtccagtca ttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
    atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg ttccccttgg gttttatata tcttgatgct 540
    agcaactttc catttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
    ctttctgggc ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
20 acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcattgcaga acctggcaga 720
    tttctttcag tgtggctgct ttggccttgg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
    gtacaccatg gtctttcacc cagccaggga gaaggttctt cgctcagtat gaagaaaagc 840
    aacccaaaac tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
    gaagtaaaaga tttagaattc acctaaagtc aaaggaaaac acgtgggttt taaagccatt 960
25 aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
    tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat tttcacaaag aaaatgcaag1080
    ttactttttt tggaaataat actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
    atattggctg tttcaaaata gtactattct ttaaacttgt aatttttgct aagttatttg1200
    tctttgttgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaataa gatgtacctg ttttgctttc1260
30 acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
    aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga 1354

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

65 cgtgatctct cctcagtaaa accaaggtgc atttttctgg acccacctat cttgggggtg 60
    attaggagta gaggggttga aatacttaaa atttttttcc tttctgatat aattattgat120
    ctccttctag aagtcctgtc gtctttgctg gagaattttt atttaagcat cctttttag180
    aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240
    ctacacagtt cctttattca gttttccc 268

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 752 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tattttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg tttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaatt ctcccaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agtttattga tgattattca tcctcagatg agagttttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaatg aggaaagtgt ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcgtt caggaagtgg cttatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagtttct acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag^ttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaatcctg ta 752

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggatt gcagaatgga aacttggctt ttgcggcact gggtagtgg 60
tagtttgtgt gtgtcttgct ggggggtggg gatgattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
aagaaggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttccctcctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acagggtttgg cttgtgggtt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcaccttctg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttagtqttac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
ctgaggaagt tagctgcggg ctgccctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaag 480
tgttcagatg ccccccttgg gctcctttct aattttaatc agctctttaa atagctgccc 540
atctcctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
aaaatggaat ccaaagacca cctagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctccctgc cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgaca tcccctcctg gttctcacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaacag gccctgcctc tggctcctta aatgccccgt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gcttaagact ttgttaagat catttctact gcttttcttt ctgcttcaaa 900
cacacagttc qctcttgagg aaagtaaaat aaatggaata agagtaaatt gggtaaggag 960
atatccaaag ctaccagtc ccttgaccca gcacagttgg ccgaccctg tcactccctg 1020
gctgtcctg cctctctgtg ctactgaag ggtgagccag gccagtgttt cccagcccc 1080
tgggcctggg cactacacag tggaaaacag acaagcggcc ccttcccaa atcccaagag 1140
tgtcttgctg cttgggtggg gctcatcgca atgttctgaa ggctccaggg ccactttgtt 1200
tgtaagtatg atctgggcct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata 1260
tctgggttct tattatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtct 1320
ggctctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc 1380
caaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
cgatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgtagg gccacgcctg cggcgctgct 60
ggttgaggct gtgtgggtgg gggacggggc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccacctal20
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgacl80
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taactggctta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt300
gaatatatag atcaaggctg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggct360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ttgattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc acccgcttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tgcatgcgg cgtgaggctg ggactgcgag tgctgacgcc accttcctgc tgagggtggga600
ctgggccctg gacacacccc tcagccccctc tgtcctcatt gtttggcctc atgggaccga660
ggggctggag gagagggcga gtgtgcccga gggttcaaga ggttgtttgg ggtgaaatgg720
gtttgt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```
ggctgagaaa aatgggggga gacataaac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgagg agttcaggta180
ggctgggcct gtgcctctag gtagggacaa gggaggctgg gttagccagg ctggtgctta240
aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300
gcctgggttg atctcatctc acctggattc aaagggttaag gtgggcatgg gtcttgggccc360
tgacacccac caaggatgac ctgtggactg ccatcgatg ctgaacagg agatgaaagg420
aggtcctctt accatacccc tctgccaacc ccccagtagg cactgttct gactttgttt480
ccagaatata cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
acctacctgt tgtcccaagg catacaaagg agccccaac gctcatgctt ctctaataca600
gccctaccaa gacagacaga aaaggaagg gtatgagga agcttgagc tjtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
35 atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtctttgta gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaagg aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
40 cattactgaa acgtcttggg gctgccaagc attaggttgg aagatgcaaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtgggtcc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttccctctgt ggcagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct tttccaaaca 720
45 ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttggtttct tagttcatat aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttctctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggtctta cctacaataa cttttatttt ggaattgaac tattattaaa1020
50 ttgtatctaa tcctggaata cagtttaatt aattattctt agtgcttaag gcttcataaa1080
gtaatttttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```
aacagttggg aggttcttag ctcttttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60
agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120
ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccatal80
ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```
tccaagggtc ctttagtcct tcctaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggcttg 60
ggacctcctg gggttcttac cttccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120
ggaatttgtc tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccaggal80
tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240
```

DE 198 18 620 A 1

tcattctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggctccc agactgatat tcagactgac300
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360
gacttttccc aggaacacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420
cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaaatccat cagctttgat600
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660
ttagtagagc ccttttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720
ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaattaat780
ttggcatcag agacttcaca gtgggg 806

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 241 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

ggtggaattt ttttgggccc agtatttggg gggatgatagg ggtagagggt tgtaaataact 60
taaaattttt ttcttttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtcc tgcgtctttt120
gctggagaat ttttatttaa gcatccgttt gtagaagaat ctctaagtgc cgtttttcat180
ccagatctac aattgatgaa tcctaaaggt atttctacaa agttccgtta ttcagttttc240
c 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 266 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggggtga cagagatggc ggccgggtttt 60
cggaaggcgg gtaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaaggc acctcaaagg tggtcgggag aaggggtgtg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtgggggtaca aattat 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccggtggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggcccttc agccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcagggtg ttgccgggtgc t 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

gcagccgctcg ccttcggagc gaaggggtacc agcccggcag aagctcggag ctctcgggggt 60
atcgaggagg caggcccgcg ggcgcacggg cgagcgggcc gggagccgga gcggcggagg 120
agccggcagc agcggcgcgg cgggctccag gcgagcggt cgacgctcct gaaaacttgc 180
gcgcgcgctc gcgccactgc gcccgagcg atgaagatgg tcgcgccttg gacgcggttc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgctc 300
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gattttctctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatccatt cttctgttac cagatctttg 540
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact ttttaagggtt 720
acttgattag ctgtgttttg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaac tcctctgatg 780
tcctggttta tgttaccagc aatgacacta cgggtgctgt acccccgat gatgatgcca 840
ctgtgaattg tgcgtccaag gagccaccgc caccttacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
gggcggagtg agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatttc 960
acttttgcca tgagcctctc tgagcttggt tgttgctgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
aactgtagaa ttcttcctgt acgattgggg atataacggg cttcactaac cttccctagg1140
caatgaaact tccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctggggcc1200
cagggttggg catttttctc tctgttcctt ctcttttgaa aatgtaaaat aaaacaaaa1260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaal320
tgtcaattgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttaca1380
agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttggtggt1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560
gtatgtgta gaggggtgaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgcccctctt1620
ctcctggatt cacatcccca ccagggccc gcttttacta agtgttctgc cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtggaattg ggatatattt gatatacttc1740
tgccatacaa catggaaaag ggttttcttt tccctgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
cttccaagta tgtctagtca ccttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttccttgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggatttt tatatattca1920
tatgtttaca agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cgtttgcaat taaaacaagg tttgccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaatggtgg2040
cg
2042

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 147 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70
- ```

ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtcccctgc tctgcaacac 60
acaggtagtc ccagtgctag catttgtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcagtg120
gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 143 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71
- ```

ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtcccctgc tgttcaacaa 60
aaaggtagtc ccagtgctag catttgtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcaatt120
gtgtgatctg gggtcattgg ggc                               143
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg cccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac cccagccta cttttctcag 120
ctccccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgctggagggt cagtctgagc taccaagact 180
gtccctagac aaaggtggag tccccacac tgccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgagggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagtg ccattgactg ccctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttgcccat 360
gagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtggctctg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggct 480
tttagaaatg gttaccttca ggacagtga gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agtttagaat tgggaggcct attctcatag 600
aacacaaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttcaa ggatcacaca aacggtagta accaggggtg tgaatctgag tacaccctgg 780
caaggcttct ctccagactg aagcagcaat tctgccacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tgttctttgt gggggccaga tcagaagaga gaggcccctg tgacgcccgg gctgcttggg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac1020
aggaaaatga acttaataca gagagactgt gatatgtgct aagaagggtg tgagggaggg1080
agagatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattag1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaag aacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg1200
aaatacttgg aatattttcc agagtctcta aactctcacc ttccccca gatacacatc1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggg tgtgtacgga acccctgggt1320
gtctgcatat atctcagaat taccacagga ccattgtccc aaagtctaga gtctttacag1380
gtaggcaaaa tttgttttca atgcctgtgc ctgagctgct gtcacaaata cccatcttag1440
gatcccatca gcttccatc cccaccaga cagccacagt accctcactt tctccctatt1500
gttctttcaa atcctgttct caggaaagaa actgccacta attcattcac actaagggtg1560
aaatgattga taataggaat gagttacctc ttcccacaga catttgtttt taagtatgac1620
agagcagggc cttaatccca agggaaaagg ttatggaaact ggagggggtg agctttctgg1680
gtagaaggag acttctgaa tttccttaaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg1740
aaggctctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgtgtgtg ttgttacggg1800
ctctgaggga atatagtaaa aatgcatatg cacgtgcaat ttgcacggca gcatttcaccc1860

```

gattgtggac tgtattggct aatgtgtttc ctggctttta gatgcaaac attaatataca1920
 ctatcttata tcatagtttt ttcaggggtg cttcttgyatt agtggggat ttggaacac1980
 tcttttaata cagctagaaa ataaaaccaa tttgtaaagc cacatttgca tatgatgcca2040
 gcctcacgca tttgtatatc tccagaaatt caggtatgcc tcaccaattt gcccgctctt2100
 aataaaatct tgtgttaaaa tttgcatcac gtcgccttcc tatgtatgac gaaacaagaa2160
 acagagattt ccaattgctc ttttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatttt2220
 tatgctgaaa tgtttataca ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct2280
 tgcaacacat tttgatatat tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta2340
 tcttttgtag tctctctggg atcagtaaaa gaaaaaaaaa ataattgtgct taagaagtgg2400
 gactgtaaat atgtatattt aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat2460
 aatttttaaaa atttgaatgg aagggggtaa aggaggatcat gaagtttttt tgcattttta2520
 ttttaaatgaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg2580
 taaagtgtta aaatttacga taagtattct attggggagg aaaggtaact ctgatctcag2640
 ttacagtttt tttttccttt ttaatttcat tattttgggt ttttgggttt tgcagtccta2700
 tttatctgca gtcgtattaa gtcctattgc tagaataggt tactacaaaa aaggttatat2760
 tctgaaagaa aaataactga catttatatat aaccaattaa tttaaagtat tgccatttaa2820
 attacacact gagagcatgt cctatgcaga catagatttt tctgttcatt tatttttctt2880
 cattgcagtg gattgatttg ataaatagat gtgttgaatt actacatttg ctgtacatat2940
 tatttaataa actttattca gaattgcgtg gcaaaaaaaaa 2980

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 227 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccattttgca 60
 ggtcatattc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgcctatgc ctttgggtt120
 tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattgggtt gagagtcaag agagcattgg180
 ttttgagact ttaatccctt tctggttgaa ataagggtgt caacttg 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 246 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

```
ctcgtgccgg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60
agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttagggaaa ggtagaacta120
gagagggttt tcaggatagt tccatgttga gcagttgagt catagcttct gatcttggag180
gaaggacaca cttcaaaggg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240
atggggg                                     246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 773 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
cggaagtgtg aagggttctg cctctcctcg gccaggcgga acctctctgc tgggcccggt 60
ggccgcaaaa gaactttctt tctccgcgcc gaacggtcgc cgcgccaac tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaacctcc tctcttctt ctctctcctg gcttcgcgcg gccctgectc180
```

```

cctctcgccc ggccgcatcc gcttgetgct gccaccgcnt cctcatcttc tgcccggcca210
accggcctgc cccgctgcag tgatgtgcga caaggagttc atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttgat gagtgaaaag actatgtggc caaggagaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgtgctg aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctctcttct480
gtctgctgctc tatgagggtc atgtttcctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggggtgctga540
taagactgtg aaaggcccag atggactgac cgcctttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgat ggatggatgg actgataact ccggaagaat gactctcctg660
tgccctcaca ctgctgcctg tctgtctgtc actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgaggg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 293 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

gcaacgggca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60
atgttggttg caatcactyl gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacggaal20
actgtctcta attttcccta cagagatgat gtcagtgcag tgaatctacc tgtttgggcc180
ttattatrrr tctgtttatt agcattaatc ttgactttta aggggttaatt gatagctgtg240
tttgactac taaccgtaca atcaatggtg gggactcttc tgatgtccgg ggt 293

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```

gacccggcgt ggctactagg agaaggacgt acggtcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgccccagc aatgggccac ttttgctaga atatggtatc tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
taaacctgtg taccatgcac tgagtgcactg tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccagggtgga ttttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgagggatc cagtggcaat360
tgtaaaacta gctatttatg gcatgctgcc aaaaaacctt cacagaagaa caatgatgga420
aagggttgcag ctttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagtaga480
ggagcttcct caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gagtacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagtga gtagttgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgccgaa tcactgtggg720
gaaagggtcag gaagggtgtag tccttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtgcagc
870

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgagcccag cccggtcacc tacaaccggc 60
 ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120
 gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180
 gattttcttca accccagggg tcaatgacct attcagcatg ccacaaagag ggggtggc 237

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 439 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60
 cagtcattag gatttcttaa taaaaaagag attgtatatt tgagttgggt attaaagatta120
 taaaatttag cccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaatta180
 gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtccttct cagttttccc240
 cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggg cattctgtaa gggttcagcag ggggtttggg300
 agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaattgggt cggggggtaaa ggtaggggac360
 aagggaggga gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420
 ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

gcaaaagtct tcaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
ttttgagtaa taacttcaag tgcaaattat gccatgcata atttcttttg tctcatgttt 180
ttcccccttt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagtttttaa 240
caagtcagcc ttcaaacatt atcagatgag ctctgaggct gatgactggt gtatcccaag 300
cagggaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agaggggacac tcaggacact 360
ttacgggac aaagtgggtc tacaccagtg ctgcttcctg aatgtttgtg tgtgaaccct 420
tgtttcctcc aaaacaaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
aggaatggag cttgtttctg tgaccagga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
gatggccagc tccttatttt ttaatgtaga ataactcctg agtttatatc aaatcctgaa 600
gaaataagcc tcagttttcc atctgttttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
gatggtggtt agcagtttca ctaagactga tatttttaggc ctcttggtca catcaaaaga 720
lattggtgtc agaataccag cattttcctg ccatgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
tatgtggtta caaatatag tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatggaagga 840
aatgctggtg actaaaataa ggtttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
aaacatttta tcaagtgtt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagttg cagtgaaggc 960
atcaacttat gtaaaaactc agaaggaagg ctctctgat aaaaacacag ctcttttatt 1020
atgctgcttt tctgttcac ttacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgcctagtc 1080
ttgagtgaat tgttagatgt gcaactgaac cgggatgttg gggattggag agagagaatt 1140
gccaaagtaa cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt 1200
ggaaaaacta ggttagggg aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc 1260
ttttctctac cctgaaatga aggtaatcca aaggcatcca tttctagggc ttaaaagata 1320
tatttttgat atatttaatg atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt 1440
ttaaqcaaat aacctggacg taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcata ggtatttttg ggagagttaa 1560
ggtataattt gaaggttggc agaccagttg ggctgattac tcttagagaa gaagaaatgg 1620
aaaaatgaaa gaaggcagga aggaaagaaa ggatatagga agagagggaa gcagaaggca 1680
ggcatttttc tattttcccc acaattatt tcaaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatg 1740
tcattggcaa gaggagaac tgggttttg aaagcagtat ggattcttta atgcctctc 1800
actctacaa gatagtaggc tttagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacatttaaa 1860
ctggcatata gaaaaaaagg aggatttttc tgcattgtaa aataatcagt atgggtttata 1920
tgttgaattt qacatttgtg tgtaatttca tgggtggccta gtgttggtgt gcttctggta 1980
atggtaatag aagctcaact atttttttgt ggatttcagt ttttatcatc agaagtccta 2040
gacagtgaca ttctttaatg gtgggagtc agctcatgca tttctgatta tacaaaacag 2100
tttgagtag gttatttgtc atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acatttttac 2160
atgtaaatat ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaattaatt aactcaataa 2220
ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact 2280
gtgcaaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctgggga 2340
agagctttag gattctagta gatggatact gaatactcag gccacttaa tttattaatg 2400
tatacatgtt gtttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata 2460
aatatttttt atgatgataa aag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60
tctgctacgg acttttaggga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcagggcatgg180
aagttatagg gcactacatg ac 202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 353 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

ggtggtgggg ggggggggtg tgggccaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac taggggtttc taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaat tagcccttcc ttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180

DE 198 18 620 A 1

```

ttagttgctt catcagtacc acacttccag tttctatacc aagccagtct cctcagtttt240
cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgct gtaattgctt atgcagagag300
tttggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

cggggataac caaacacagc tgtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaaccc 60
cttcggacag cttccccgtc caggetttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120
ctgcactcag aagtcctgag cggctccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180
gggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatcctgca tttctaacaa 240
gctcccaggt aaggcggagg ctgctggtgt gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300
gtgcccaggg ctgatatata ttggaaatat caccctgaa gccatcgtg gccccacct 360
cctgtggact gatgccccag ggattcccac cccactcttg caaccccagg tatccttcat 420
tatccacccc atcccagact cccaccccag ggattgcccg tgaagacttt ggcctagcaa 480
attgtgttgg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
ttcttaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600
agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagttagc ttctggaata gaaacagtgg 660
tttgaagacc ccaactgccac ctttatggac tggccccttt gagtctgaat ccccgccctc 720
tgtcacctga gacccaaccc ctagctgggc caactccagt gaattcaccc atttttcttc 780
ttcagaaggc ctttctgtg tgagaccac atattttaac cttttgctcc tatcccattt 840
ttaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgctctggc 900
ttcctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtggg aataggcatc ttcctttcaa 960
ctttcccaa actggccaca gataggctgg ccatgggaag ggtctttgga tttcggggga1020
ggcaaacgtg ggggattgt 1039

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```
gaacagttgg aagcttctta tctcttttta gggctttaac aaagaatttt gttttatatt 60
tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120
aggccagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240
aattttcagt tcatataatg ttttcaggga                270
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```
agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180
tatttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgaggaagtt gttaatcaag ggcagtcgga240
tggatcaatg ggtaaatttt aggtggcgtc aaggaggggc ttatattcac tcaaaccggg300
atgttatttg gtcgggccaa ggttggaagg                330
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```
atttaagtat_ttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatgggtca agtttccaac tgagtcacat tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgcgg gcttacaaaa tgccaagggg gtgac 235
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```

gggaggcttt gtgttgggga gtttgggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60
ggtaatttag cttgtattta attaaaaacc cttaggccgt tacttatato tggtagaatt120
ccagtgatca gcctaataag gtatatcca gaataatttt ttttcccttc agaataactt180
agaatcaga
189

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35

```

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60
ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagtccc acttcagttc aagtagctgg gactacaggc120
acgtgccaca agcccagcta atgtgggtgt ttgttttagag atgaggtagg gccatattgc180
ccaggctcgt cttgaacacc ggggtcgaag gaatctgccc atcttcgccc cccaaagtcc240
tgagatagca ggtgtgagtc atcatgcccc gcctccttga agtttactaa caattgggat300
aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360
ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420
tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttccttca ctacctttct480
taccttaat gtgccaaagc tgaacagga ttgatttccc tgagctactt gttcgccttc540
tgtgcgtcac caagtaatct ggttcattct tcgtctcatt catgttattt tcaagtgaag600
caagacattt tgggggtcaa gtctctttgg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660
ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720
agaagaaatg aaagcctggg gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780
cttgtaaaat aaataattgc attgtatatc agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840
ttttagaatt tttaaatacc aactat
866

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 224 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```
agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtcttaaca aaggattttg tgtgatgttt 60
agacccaggt ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgca120
ggccagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact 224
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
ctccttgtcc aacggaaaaa acatggaagg gtttaagccta aacaaccctc aaacggaact 60
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa ccacaaaaaa tacagagagg aacgttttta120
accttttaggg cctgcgtcct ctgccttttg cccatcaggg tcaaagagta ggagtgaggal80
aggaagggat gggacagcat cccctgggac gttcaagtac catccctggt ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctcgtctgga ctctcagacc tgctgctttg300
```


DE 198 18 620 A 1

```
tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatcttagtg qgacaggtc ccagtcaata360
ccattggggc tcaataaagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
agggtgacgga gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
agggaaactcc gtcagctatg agttggggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540
tatattgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatccac taaatggatc ctatgacct600
gccaaggttg gtagagacaa agcagcaggt ctgagagtcc agacgaggtg ctctggctgg660
tccactctct aaggctggag aaggagagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttccttcctc actcctactc ttgaccctg atggccaaag ccagagacgc780
agggcctaataa ggtaaaaacg tcctctctgt attctctggc ttttactccc tagtgtctct840
gcataa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 223 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60
ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120
gggaggggat ggtgtggcc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180
gttctggatc ttggttggg tggtagttat gcaaggctac atg 223
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgaaagcgtc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60
    tgcaatatat ttttccgcct tttctggaag gatttcgctg cttcccgaag gtcttggacg 120
    agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
    tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
20  gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgagaa gatgcagacg gtgaccgcgc cgggtggagga 300
    gctttttggtg gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360
    gttgatgaat gtggaccagc acagcgtggt cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
    ggaggatgac atcgccctgc aaatccactt cacgctcatc cagtccttct gctgtgacaa 480
    cgacatcaac atcgtgcggg tgtcgggcat gcagcgcctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
25  ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccg agacctgcat tgtctcctgg tcacgaaccc 600
    tcacacggac gcctggaaga gccacggctt ggtggaggtg gccagctact gcgaagaaag 660
    ccggggcaac aaccagtggg tcccctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttccca 720
    gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
    tcccccccag cacaaccccc ccaaaacaa ccaacccacg aggaccatcg ggggcagagt 840
30  cgttggagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcggccg caccagggc 900
    agagatccag gagctggcgg ccgccgatca gatggagaag gggggaccca gccagcagg 960
    agacaggacc ccggaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg 1020
    ctgcgcctt ccccatcacg gaggggtccag actgtccact cgggggtgga gtgagactga 1080
    ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacagag acttgggtga 1140
35  acttggtttg tccttgtctg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg 1200
    gctgaagttg ctctgtaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctatatt 1260
    gttacttgca cttgttatte gaaccactga gagcgagatg ggaagcatag atatctatat 1320
    ttttatttct actatgaggg ccttgtaata aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```

gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga120
ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag180
cagccccccag gcccgggagg cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240
gcccattcct acctcggagg tggaggccgg aaaggctcga ccaagagaga agctgctgcc300
aacaccaacc gcccagccc tggcgggac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat360
tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgaggaggga aggaggacc aggacaggat480
ccaggccggc ttgccacacc ccccaccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga540
ggggctacca gaaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct600
gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660
gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaa720
aaaaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
761

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```

agggaagcta gtagcggacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60
taaagctgag cgaccagtg ccaactggaga cggtcagctt ctccactcag gtcctccag 120
cccgagccag aagacccct ccccagaat tctgggggccc gatggaagg agccgagtca 180
gatcgcgagg taccagagc cgacagaccg gagcgacagg gatttgccag aagccccgcc 240
cctaggagtg atcggaagc ctcaccatc cgggtgagga acccgaggga ccgcctccgg 300
gcggagcgcc gaccatggtt acgcccctgg tggcgggtcc cgcagctcta cgcttcgccc 360
ccgcggctag ctggcaggtt gtgcgggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420
agtttctgcg atctctgcgc gctgttgccc ctggcttggt tcgctaccgg caccacgaac 480
gcctttgtat gggcctaaag gccaaagtgg tggtagagct gatcctgcag gcccgccctt 540
gggcccaggt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600
atcccaggc tacaaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660
agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctggaagctg caggaaacttg 720

```

```

aacaagagta tggggaaccc tttctggctg ccatggaaaa gctgtttttt gagtacttgt 780
gtcagctgga gaaagcaetg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
ggatgcagcc tggagtctct atcacctctt ctcttgctg gagacaatat ggtgtggaca 900
5 tggggtggct gcttccagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tctcagcaa caaagactag cactccacaa tccctgccca aaagccaagc1020
ctggcacaca tcttctcag ggaccatctt caaggacgca cccagaacct ctgctggcc1080
gacacttcaa tctggcccct ctaggccgac gaagagttca gtcccaatgg gcctccacta1140
ggggaggcca taaggagcgc cccacagtca tgctgtttcc ctttaggaat ctcggtcac1200
10 caaccaggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gcctccactg ggaagtctaa gagtccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aaccagttg acttgccctgc cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttgagattg ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
cagtgtgtcc tccgtctctg tgcagctccg tcattaccat aggggacttg gttttagact1500
15 ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtttga caccttgata cccactctct gtgaatacct accccttct ggccacggtg1620
ccatacctgt ttcttctgt gactgtagag acagtcttag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tctgctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaatga1740
agtggaaagtc caggcttggg ttgctaact acactgctaa aaatatttgt aatccttaat1800
20 aattaaactt tggatttgtt aaaaa
1825

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg ccctccgggg agcgatttgt cctcgggagg ggcggggagg tggacgcggg 60
55 taccggcggt cgctgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcggaagc gcgctgcggt 120
tccggtggcg ccattgctgt ctgcagcttc ttcgggggag aggttttcca gaatcacttt 180
gaacctggcg tttaogtgtg tgccaagtgt ggetatgagc tgttctccag ccgctcgaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcggtc accgagacca ttcacgccga cagcgtggcc 300
aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaaggtgt cctgtggcaa gtgtggcaat 360
60 gggttggggc acgagttcct gaacgacggc cccaagccgg ggcagtcctg attctgaata 420
ttcagcagct cgctgaagtt tgtccctaaa ggcaagaaa cttctgcctc ccagggtcac 480
taggcgggca gccacacccc acccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttggaacc ctgggcgtcg agacaggaag gcagggcgca gtggttgaaa 600
catcaggaca ctcccaaggc cccggtcttg aacaagacct ttctgtttct tggaaaagag 660
65 actcatttgc tgatggttca tgccttctgc tgggacaggc ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagccccct gctcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780

```

```

gctggtctct gaatgacgtt acaccctcac cttcttttcc tggcctctgc tctggactct 840
ccccgtgtag gcccaattcc aagacagact ctgctctcca ccgaagctta ggcccacatc 900
tcccaggctg cttaggagac agaattgaaa cggaggccgc cctgccagc cgccctggcc 960
ctggctcactg catgatccgc tctggtcaaa cccttccagg ccagccagag tggggatggt1020
ctgtgacctg ctgggaaggc aggtgatgg ggcacaccct tggcctctcg tccacgagg1080
gagaaacctt aacctgtttt cacaatctgt gcggaagtag cttgcctcac ttctgcttag1140
gaaagcggct gttgctccat aactctaacc agcacagggc tgaggcctgc agtgcacacc1200
tgacgggag cccttcccaa ggtgtggtga ctgtgcctta ctgtacatgc tcggaggcct1260
ggccatatag gaggtgggt gatgctgaaa tcaccccca tcttaagtaa ttactttctg1320
gagtaatcag gtggaatcc atagacaaat gaaacattca gatgtaaaaa aaaa 1374

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1234 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

cttgggaagc tcttggatct ttgtcaacct gactgtgcga ttctgtatct tgggaaaaga 60
gtccttttat gacacattcc atactgtggc tgacatgatg tatttctgcc agatgctggc 120
agttgtggaa actatcaatg cagcaattgg agtcactacg tcaccggtgc tgccttctct 180
gatccagctt cttggaagaa attttatattt gtttatcatc tttggcacca tgggaagaaat 240
gcagaacaaa gctgtggttt tctttgtgtt ttatttgtgg agtgcaattg aaattttcag 300
gtactctttc tacatgctga cgtgcattga catggattgg aaggtgctca catggcttcg 360
ttacactctg tggattccct tatatccact gggatgtttg gcggaagctg tctcagtgat 420
tcagtccatt ccaatattca atgagaccgg acgattcagt ttcacattgc catatccagt 480
gaaaatcaaa gttagatttt ccttttttct tcagatttat cttataatga tatttttagg 540
tttatacata aattttcgtc acctttataa acagcgcaga cggcgctatg gacaaaaaaa 600
gaaaaagatc cactaaaaag aaagatttag atggcttctt gccagtttga gcctaattctg 660
attcttacag ttttaccttc ttgaaccaat gtaaaagtgt ttttaagtgt aaatgattaa 720
attctcagtg aggtatctt ccttttcccc agtaacattc ctgaatttac tgttatctta 780
ttgtagtact tgcattgacat ggattcctga tatctgatga gaggttcatt cttgtgtatt 840
cagttaatga caccaaaagg ctacgccac cccaacccta tctcatgttc agtctgtcta 900
atacatgccg gagatttttt ttcaaaaaag tgctttatct ctacaatgta ctgacagttc 960
ttacagttga gatttgttct tttcagctat tgcttgtgaa aaaaagcaag actatgtcac1020
tctatagaag gctgttaaag tgactcaggc aggaattaat tattctgtac ctaaggggtt1080
acttgtttta tgggatggca ttgacttttt gaaaatcaag tggactgagt cattgataaa1140
acattttctaa gagtggggt agagaacata ctttacatct gacatccttt ggcctaacaa1200
catctattat tatagtgtc agcagtggtg gcattgaaga ggcgcagaat gctttgaaag1260
aaactaatca gaatcttga acatcatgat catgccattc ttaagtaaat caactatttt1320

```

```

caacactgaa gaaaaatgaa acattatttta gazaacaat,j agattacaag ttccaaactc1380
agccaggaat gtggctcaca cctgtaaatcc cagcactttg ggacacctag gtgggagcat1440
cgcttgaagc caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagaccc ctatctctac1500
5 aaaaaataaa aaaatttagct ggggtgtgatg gcacacacct gtttgtccca gctactcaag1560
aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcagtgagc cgagattgtg1620
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccaa accaaaccac1680
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
aagggaacac agtatgtagg tcaaaactggc agtaacagtg tacagccttt gacaaactag1800
10 aaatattaga gtaggccaaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
tggcagcctt ccactctctg cactggctga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtga1920
gtgggtgggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcattctgc tgctgttcag1980
ttggcttttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cggggtgaac2040
acccgctgat cctttaacaa ggatttctgg caggaaactc acaaaaagga gaactgaaaa2100
15 ttttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcatata ttccaagtaa2160
accaagtata ataatgtttg gagtaacact tgcataaaag aattttaagga gtgatagctc2220
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaaaac atctgattaa tataggctag2340
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
20 tacttgtttg tattgatctt tgatattctt gcagctgact acgtgtaatt gggcagatca2460
gctttgcagt agattatgct gcacccctct ggcaaaatct tgtattctta gtgattgtta2520
caaaccctt tattgctgtc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaagg
2615

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

60

65

```

gttggcagaa acccggattc cggttccggt gggcctccat cagcaagtc cagtgcacg 60
tgtccctggc attttagggtg tcggttgggt aggcagtcac ggatcaggta atgcagtttg120
ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct gggttaaaaga tgcactaaac180
ctgatagaaa agaattccag aagattgcca tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcatggc cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttgggt300
getgaatata ttttgggaaga gaggtttttca tcttagagat tgggtgaacaa gtgtgaggg360
gtgagaaaact cacagaatac aaatttgccct gtatgttttg tgggtttttt ttttcccttt420
caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
65 cgcgccgcgc aatttagtag tagtaggc
508

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3588 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

ctccctctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaag aaaagggag ggaatcccat tttgtgatga 60
 tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggctgt ctctgacctg 120
 aagcttttga agtaagggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagtg gtaatttggt 180
 gagtttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
 tagggaaccc gtgttaactc agaatgtcga agaaagtgtc tttagccaac aaaagtaaga 300
 ttactatcta gaaggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
 taggtttcct ttggtttata tccccagttc ttaatactaa aacttatttg acttcctatc 420
 aggaagcaca caaaaaaagc gtcatttaaa accctggata taggctttaa aggatacaaa 480
 aacagcagca ttgtcgtttt gccaggttca tcaccatttt gatgtgctac ccatccttcc 540
 accctccctt tctgcccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
 actgttttcag agaacattaa ttcttgata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
 tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagtaaa atagctctcc tagacttgag 720
 cttccagcca ggcattttaga tcaactctaa gcctttgtgg aattctgagg aaaaaaagca 780
 agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc ccctccctgt aggggtggggc 840
 gcgtggctca gctttggaaa atcattttgc cagtaatatt gcctgtgaat ccctttaaga 900
 agtcgtcctg atctgagcct gtctttctga gcactttggt gctgaattga aaatggtaag 960
 ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaaa1020
 agtttctcag gttaaacctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact1080
 aatcagtggt ccaagggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat1140
 gacttatgcc agggaaggta gaggtgatt atggagacac ccaggaaacag gaataagaag1200
 ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc1260
 aaagtgtcga agtaaaaaag agacttgag ggctttgct taatgagcaa gaggcttggt1320
 tcctccaag aacatgagg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgcc1380
 cgctcacccc atccctcgtg actgggagca tgtttgctca gaattttcta agaggactct1440
 cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgtttagc ctctgagaat ctactcttt1500
 catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcagg atcagaaaca tcagagtcca1560
 gggcccagtg gcatggtgtt gcattagtag tttagaaaagt aattggtcag ctctactgta1620
 aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat1680
 ctgaagactg tcaaaactgg tgataatcaa agaaaagggt ggtggttaga ataagtaaaa1740
 tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaaggaagt caagaatatt1800
 tcaggttgtt gagaactggt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg1860
 tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc1920

```

ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatygt cagggatggg1990
ctctgaggag gcagtgaggc cccaccttgg tttgtctcca tgggtgtgct agtctccaaa2340
cagcttaagg gtttttaagt tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
atcagaaaag ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgct2160
5 tttctcccctt ttccagggtg gccatccata tacaatctcc tcttggccaa gttcaacaaa2220
tgtttccagg gaaccccgtg ggttgaggca aagtagccaa gatgtattga gttaagtttt2280
tctagaggac aaaagtattt cttgtcccct tcccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340
cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
10 acccagggac cagtcacctg gggaaacaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccacca ggaaagcaaa taagttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tgttttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagaggct2640
gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaagt agctcaacaa aactgggaat2700
15 ccaaggaatg gtgctttagt ggaaagagag gtcagttgtg gtccttaaac ctcttggcac2760
cttggtcggg ttataaaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccccc aatccaaatg2820
ctgtccaggc tttaggagct acccaacctg tggttatatg gtgttggttt ccattttttg2880
tttgtttgct tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagt caagcttttc2940
ttcttgcccg ctacagggtg gcctcttccc cgtgtcttca cagcgtccct aaggaagatt3000
20 tttgcagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggg ccagagaagg cggaaggaaa3060
tagttttcct gtttcccttt ctcgagggtg atgtcctcag gcttccctca caccctcttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagtcaggc tgtggaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tggtccagcc ccagggtttg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccttcttc3240
tctaaagaac aggccagcca cacatataac cctttcccta ctttactaat gtatccctta3300
25 tgtgttacca gcaatggagg acaggcagac ttaccccctg ccattctagag agaatgttgt3360
tattacccgt aaaacttgac cacccccata tccactcct ttttgtaaaa acaaatgctt3420
aaacctgtga gcctgccgtt cctttctatg tgttaatcag tttccttcca tttgagctgt3480
gtgggaggga agggcattga aattgtagg tgtaatcttg tgccaaccaa taaaaccag3540
tatttcacac acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 3588
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1218 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

tggtggcggt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgatttct 60
cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgtcaa gaggaaaaat tgatgggaca cttgggtgtt 120
65 gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttgagca 180
ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240

```


DE 198 18 620 A 1

```

ctgcctagac tcacccccat cttaaagaac agacatgaaa aagbacaaga gaattgtatt 390
gatcttgttg gtcgtattgc tgacagggga gctgatatg tatctgcaag agagtggatg 360
aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca catttggtta tattgcaaag gccattggcc ctcattgatgt attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag ttgtaccac tgtagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttcacccttt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
tatattggtg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagaccttgt acacagacag acggctagtg cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttgggggtt atggatttgg ttgtgaagat tcgctgaatc acttgttgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tcctcatgta attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccgga aagtcagaga tgtatatgtg aaaatttaca actccatcta cattgggtcc1020
caggacgctc tcatagcaca ttaccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata1080
atccggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtgggttat tttggtggtt1140
aatgccact gcttcacacc ttaaacttgc tttgagttgg tgggtgtacc tttaaacatg1200
cagatcagtg gtgactgg
1218

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

gtgctcaaga agtgccttga gttggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa toccagattt 60
caggttttat tacaaaatgt aagtgggtcac ttggcgattt ttagtagcat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaa agatcgtagt 180
agtgcacaac aaatcacta tcccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgacctggc agtgttcttg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggcctt ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtaacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaatgtaa acttctaaaa 540
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg ataccctttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaaatgtca attgctttta acttaaatca cctctcaaga gaccaaggtta cattacctc 780
attgtgtata taatgtttta ttttgtcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaagtgt actgtattgt ttatatttgt 900

```

```

accccaata acatcgctctg tactttctgt tttctgtatt qcattttgtc eggattcttt 960
aggctttatc agtgtaatct ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc caataaattt1020
tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaagagg agaaaaaac ataagctgtg1080
5 tttccccata agttttttta aattgtatat tgtatttgta gtaatatcc aaaagaatgt1140
aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatgga1200
agcagtgcac ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaaaagt1260
atcgttgga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

```

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
ccgaggcaag tcggaatgaa atgaagatcc ttctgtgggt ggagagttaa agggctcctt 180
45 tcggatctac cctctgccgg atgacccagc cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
attacctgac agcgtccac aggaatgcac ggttaggatt tacattgttc gaggttaga 300
gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
50 ttatgacacc tttaaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
attcctttcc cgttttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagttaga atcagatatg gaggacgaga 720
ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
55 agagcggctt gctcttcaca tcctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
aaggactttg cacagcacct tcacgccaa catttccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
ggatgttttc cccaagagtt ttggggccacc aggcctcct ttcaacatca caccgcgaa 960
agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgacga1020
gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttctggcaal080
60 tgaagaaaaa aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggt aagggaattt1140
taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgcl200
gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatccac ccaggctgat1260
cattcagata tgggacaatg acaagtttct tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
65 tgacttgctg cacacgatca ttctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaal440

```

DE 198 18 620 A 1

```

gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg1500
gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagagaggg gccgacgaga ggcagccgg1560
gaaggggcgg gacgaacca acatgaacc caagctggac ttaccaaadc gaccagaac1620
ctccttcttc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtt ggcgccgctt1680
taagtgggtc atcatcggtc tgcgtttcct gcttatcctg ctgctcttcg tggcctgctt1740
cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
gcaaaggctt catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tccctgctct gtagaccaac1860
atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca2040
aaatatTTTT caaggtggct ggttccattt aaaaatcctc tttttatatg tgtcttcggt2100
tctagacttc agcttttggg aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata2220
gttagaacia ttcttattta tgcccacaac cattgctata tttgtatgg atgtcataaa2280
agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1377 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

cattactgtt atagagaaa cattttagta atttaataaa aggataatgt ttatttataaa 60
aacctgactt ttccagagta attttgTTTT gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
ttctataatg caaatcagag ttaaatatta aaaatttgtt aaatacaatt gacataggaa 180
ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaatttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcattcagt ctttcagAAC 300
aaaaagacag tcacttgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgga 360
catctttaat ttctgcatg atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
ataaacttct tgttcaaat accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540
atttatattt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat tcaccaataa 600
cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgtagtgca 660
tcagtaaatg tgttattttg tcatttttcc aaagagagtg ttgtagggtt tccctgtagt 720
tcttctttaa tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaa actatctatc 780
ttgcatttgt gctcggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
atttgaggac tgggctgtct tggggtcag aaggtaaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gttagagatt tcattttaca 960

```

DE 198 18 620 A 1

```

acacaaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaatcatgg aaagttataa tctagaaga1020
ccttagagaa ccagccaacc aactctctca ttttaaaagt gaaggattca tagcacagat1080
tacttgccct agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaaga1140
5 ttagtcccca aattcagtggt tcttcctagt attaaacatt gcccctttcg acaaattttg1200
gatttcaatc ttggatatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260
cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtg1320
ccagcagcaa tgtagatatg tgtgacagtg gtcattgtaga agttataaag cagagta 1377

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60
gtgttgaggc aggacaggca cttagtcttg atgctgtggt cttttgtgat agtagagcac120
cgggggttaac caccactcct ttaggctact tgtagtgaac acagaagtaa aatatttcaa180
ttatttaatt tagaatgtta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240
45 aatttttact cttttggtca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300
attgacaggc cattt 315

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

atgatcatgc cactgcactc catcctgggt gacagcaaga tcttgtaaaa aaaaaaaaaa 60
aaaaaacccag gagtgaaaaa ggaaagtaga aggcagctgc tggcctagat gttggtttgg 120
gaatattagg tgatcctggt gagattctgg atccagagca atttcttttag cttttgactt 180
tgccaaagtg tagatagcct ttatccagca gtattttaag tggggaatgc aacgtgaggc 240
caactgaaca attccccccg tggctgcccc gatagtcaca gtcaaggttg gagagtctcc 300
ttccagccag tgacctaccc aaaccttttg ttctgtaaaa ctgctctgga aataccggga 360
agccccagtt tctcacgtgg tttctagctt cttcagactc agcccaaatt aggaagtgc 420
gaagcacatg atggtgaaaa acctaggatt tggcagcctt ccagaatggg atggaatctg 480
agggaagatt tatgtttcgt tttggaggat agctcaagtt gaattttctt tccagccagt 540
taccttttca acctaccat actttgtaca actcttacac aaatacttag atatttatta 600
gatagccctg aattcactct aattataaac agggagtgtg aactgcccc agatgttcct 660
gggctgggta aaagcagctg gagtgaagca ctcatcttcc ataaaggtaa caaagggcag 720
ctcagtgggt actcaagctc aaaagggttt ttttaagagc aagcattggg taagtctgtg 780
tatactgagt tgggaagtgat ttcagcacat tcttttttag tggagtgaag gttctgaagc 840
ccccctttta cttcctcttg gtttttcatt ataattggta gccatctcat gaactgtctc 900
tgactgttgt ctctttgtgg tcatgtgatt gtgagcttgc tttctgactt gcatttctga 960
ctttatcctg ttgttaggaa gatagaaact aggttttgaa agattacatg attcaagcga 1020
gggattttta agtaaaagatg tattttattct gaagaatcta aaagataaca gattatttgc 1080
ttatgaaaaga acaatatagt ctgggaatcc cagaatgtca agccaaagg ctaagaagtc 1140
atctccttca aatactttta taaagaagta tttcgaggag atatctgtcc aaaaagggtt 1200
gactggcctc cagattccag ttatttttaa aaagcaact accactaaat ccttgagtct 1260
ccatagagta acagtaaaaga aactgatgta acagactctc ctctcaaagg atctcctctg 1320
gaagagacta tcagcggcag cattctccag ggaagaccca tcccctagtg ccagagcttg 1380
catcctggag actaaagatt gcactttttt gtatgttttt gtccaaatgc aatcccattt 1440
ctgtgctctt tagcatgcag ttagatttgg acaaaacaaga ttccctaagg atgactttat 1500
taactataat atggttacag ctattatata aatatatatt ctggttatag ttctaatatg 1560
gagatgttgt gtgcaatgct ggcctgtggt ggtctgtgta atgctttaac ttgtatggag 1620
gaggccaggc tcagagctga gatgtggcct gaaccttccc tgtatcgatc ctttaattal 1680
gaactgtcaa gatgtcactt tctcccctc tgccttttag tggatctga catatactca 1740
aaacagtaat ttctgtgtca catcattaac tgctaattct gtatttataa agaattttca 1800
gatggacatg tacaaatttg aactcaaac atcccagtc cagatacagg gcagcgtgta 1860
ggtgaccaca ccagagcctc agcctcggtc cttctcagcc gtccggatag gatccaggca 1920
tttcttttaa atctcagagg tagcagtaaa cttttcagta ttgctgttag caagtgtgtg 1980
ccactgtgtt cccacgggtg ccatgaagtg tgtgaggagc cctcatctg gagggatgag 2100
tgctgcgttg actactgcta tcaggattgt gttgtgtgga atattcatct acataaattt 2160
tatatgcaca gtaatttccc tttttatatg tcaagtaact atttgtaaaa gttatactca 2220
caaatatta taatgattac taatatattt ttccatggtt tcattgcctg aataaaaaact 2280
gtttaccact gttaaaaaaa aaaaagttaa aaggagggag tgggaaaaaa aagctggggg 2340
gggggcccgg tagcc 2355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

25 attcggcacg agcatgaaac atgctcattt. tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
   gatatctgtt aatatgctta tagtggttaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
   tttattcacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttcctaacc 180
   aggtgtaggg catgttcatt aatatcaaat cttttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
30 ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
   atatatatga tatgcagaag tcactttttt taccaggctt tattctcctt acaaagccac 360
   agtttaactg tctgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaatacc agtgtttgtt 420
   actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcacg tatatacatg caacttcttg 480
   gcttcatttc catgaagctg ttccaatata ttcagtatac tttgtcctta atgctgcttc 540
35 tgttaacagt gatctctttc tttttttcat tcttatatct tcattagttc atcataaatc 600
   tgtccagttg aggctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
   acatttttta aataaggga atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
   gctagttttt ttttttcttc taaaaaatgt caggttttta aaatcattta ctttattaaa 780
   atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
40 actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaaccaaaa ctttatacca 900
   atgatttagt aattttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaattattc 960
   tcttcaaagtg ccaccttctc aattttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg1020
   aattttgatg taagatctat ataggccccc aaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc1080
   tcagtgaagt aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggta1140
45 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatatct gtatgttaaa1200
   atagagcact tacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tcccagtcctg1260
   tcctgtgctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttcc1320
   ctgttcccaa gtgccttgt                                     1339

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

gatcgcgagc ggccttttga atctattgag caaaagaagt ttcatttttg ttacttagac 60
ctaagatcac ttattaaaaa tccttatttt ctccaagccc agcaaacggt gacttctggg 120
caaacctgaa aacctgaaaa tgccactttc atgcagtttg tttgaagtta agtggaaatcc 180
tttcaaatga cgagctgcag agaactcagc accaaggggt gcctatctgt agatagctgt 240
aaaatggaat attttttaaa gaaggcaaat aagtacttaa aagtgaagct agcaataaaa 300
tggtccaata ataggtaaat gcaacagaaa cagaaggaga cctgggtgcc ttatgccttt 360
actcttacat ggaataaatt cccaatgcat atcctatgta aaccataagt gaagggaaat 420
aaacctcgtc atgtccatg ctgtgaggtg tcctttggat attctgtgat gacagagaag 480
cctattttgt tttgttttca gcatctttct ctgatgtacg tttttaagga ttttgaaga 540
gctgttttca gtgttttaaa tagtgctatt tttccttggt tttaaaaatg aatctcgtac 600
tgtatcttac tatgtccata cagatgttac aaatcgacag ttttattctt agactcatgt 660
gatccaagct gtatatacca tatataaaca ttttcatgta atcatttagt tttttaattc 720
atttactaat gctataaaa ttctatattt accccagtaa tttgcatcag ctggtttata 780
tactaaagca acatgttttg atgagtttct tacatcctta tcgaggaatt gggtaggaa 840
aaaatacata attgtaaaac tgagtttgct gtattatact tttttcttg agtattagt 900
gtattactaa tcatatgttg attaactgtc tacttaaagt caaggtacct gtatttttaa 960
tccactaat tttttttg tggaagaaatg atttcaggtc ttttattaga ctaacatttt1020
ttgagaagta aatttgact catatacaaa gcctgtaatt ttaggcgaaa tgggaagcaga1080
aatctagga gtgtgtcttg ctgtatgtt gagtttggtc tcagactaag taatgcatc1140
gaattcatct ttttgaagcc tgaataaatt taggactctg attcactgac caaaagtcag1200
tggtgcagaa atttctctac ccgtatggt attttggttag attgttcaac aggaagcaca1260
tgattgagaa catcttgga cagacaaaaa ccaactgacag atggcaaggc tcggcgattc1320
tgatttccct tctcaaatct gctcaactcc aagagtcttg agaaactgct aaaattttgc1380
ctctgcaact caagtcttac aaatgtttatc ttgtaaacct ttgaggtgaa ctattccact1440
gtcttgtaaa taggcatctt attcactgca ccctgtcaca ccagcacccc cccgccccgc1500
acattatttg aaagactggg aatttaattg ttagggacag taaatctact tctttttcca1560
gggagagctg tccctctaa agttaaaagtc aatacaagaa aactgtctat ttttagccta1620
aagtaaaaggc tgtgaagaaa attcatttta cattgggtag acagtaaaaa acaagtaaaa1680
taacttgaca tgagcacctt tagatccctt cccctccatg ggctttgggc cacagaatga1740
acctttgagg cctgtaaaag ggattgtaat ttctataag ctgtaaatag ggaggtattg1800
tggtttcatt tgagtaagcc ctccaagat accattcaaa taacctggga gaatgtcata1860
aattattcag ataattaaca ctgcataaat ctgattcaga ggcatgcatt tacatatgtt1920
gcctaatta ccatttgatg atcataaata caagtgaatg acattggact tttagtaaca1980
aacttaattt ttaaaaaggt gtagacaatg gtggttaaaa aaaaaaaa aacagggtacc2040
aggttctgtg tgtttgcacc aagtaattga catgtttttt gtttaataca tgtggaccat2100
gaacagtatt cattctactt tttcaaatga tatgctgtag aaaatattcc ttgaagatgt2160
gagatttaaa aatttttccc tttcaatggt gttttaattg tatttcttac ttggtttttt2220
tgattgatac cacagtgata aatcataata ctagacaaaa ttgtcttctc tttcaaacca2280
gagccataaa tatgtctgta tatatgggac ctactgcttc tctgaggaaa tgcataatct2340
gttaatatca gacaaaatga gcaattggca gtgctcataa tatattccaa tttttattgg2400
aattttcgat ggaatgttat ttcaataaag ccattgaagg tgaaactttg ataacttttt2460
actcttcaag ttagggtaaa ttctgatcca atattcaatt catttgtgta ctcccacatg2520
caaaatgcta aattacaatg cagacattaa gaaaaagtat tgactggagg ggttgaattc2580
cttgagaatt tttttatag tctaaatcac aaatacttta ctcaatttag tttttaaaat2640
agtaaaactga atatttttgt tgtaagccta tcagagtcaa tccttcggtt ggaattgttt2700
tcctgttttt ccttactata aatcatttaa aaactgaatt cattttctta gatggcataa2760
gtctgtctct tgagaaataa gtaaaatact cctattttca gtatctgtag cacctgaaat2820
aggctcttgt atagccagaa acaagttatg ttgaagttag cttttctttg tcaacagttt2880
tggaacaata aaatctgaaa gtattaacac ttgattttct actggggccc ttcaaacttg2940
gttggaagaa attcaaccag aatatctaca ttagagtata atcatgtgtg gtaggaagat3000

```

DE 198 18 620 A 1

```

ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaattttttg tgattttttt ccaagccagt 3060
ttttttaaat tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt cattgtaatg taaactat* a3120
tacaactgtt tttgcgactt tataggcagg taaattttgc tattactatt gaatacaaat 3180
gacaattcat ttatgaccac tcaaacagcg ttagtaacca ttttagtgaca aaggattaaa 3240
5 acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgtttaaa tttttccagg 3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg 3360
attttttaaa tagtacatat cattaaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa 3420
atcttataag attatcagat ttttctaata acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta 3480
10 tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc 3540
aaccatctaa tgctataaag attttttgtt ttctgtttca caaccagttg tataacagaa 3600
atactagcta ctgttttctt tctgtgtgtg gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg 3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cctttaatta ataaaaaaaa 3720
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
3751

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcggccc ccgaggagag atcgaggtgt acttggccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct cgatgaccta cgatgacatt ccgcacctct 120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacaccctga 180
acccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgct gaacgtggac ggggcctgcg 240
ccgacgagac cagcacgtat tcctcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc 300

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

gccaaccttc cctccccaa ccttggggcc gccccagggt tcctgcgac tgccctgttc 60
 tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc cttagaggac tggaaacctaa ttctcctgag 120
 gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
 ctaacagtac ccttagcttg ctttcctcct cctcctttt tattttcaag ttccctttta 240
 ttctccttg cgtacaacc ttcttccttc ctgcaccact gcccgtagcc ttaccgcccc 300
 cgccacctcc ttgtacctcc actccttgaac ccacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360
 gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
 agtcagagag ccggcactct cagttgcctt ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
 cgtggcttgt gccatggctc tgctgacca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
 ggtgagccgg ctgcaggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
 gagtctcccg gagcagagtt ccgatgcctt ggaagcctgg gagagtggg agagatcccg 660
 gaaaaggaga gcagtgtca cccaaaaaca gaagaagcag cactctgttc tgcacctggt 720
 tcccattaac gccacctcca aggatgactc cgatgtgaca gagtgatgt ggcaaccagc 780
 tcttaggcgt gggagaggcc tacaggccca aggatatggt gtccgaatcc aggatgctgg 840
 agtttatctg ctgtatagcc aggtcctgtt tcaagacgtg actttacca tgggtcaggt 900
 ggtgtctcga gaaggccaag gaaggcagga gactctatc cgatgtataa gaagtatgcc 960
 ctcccaccgg gaccgggctt acaacagctg ctatagcgca ggtgtcttc atttacacca1020
 aggggatatt ctgagtgtca taattccccg ggcaagggcg aaacttaacc tctctccaca1080
 tggaaacctc ctggggtttg tgaaactgtg attgtgttat aaaaagtggc tcccagcttg1140
 gaagaccagg gtgggtacat actggagaca gccaaagagt gattatataa aggagaggga1200
 atgtgcagga acagaggcgt cttcctgggt ttggctcccc gttcctcact ttccctttt1260
 cattcccacc ccctagactt tgattttacg gatattctgc ttctgttccc catggagctc1320
 cgaattcttg cgtgtgtgta gatgaggggc gggggacggg cgccaggcat tgttcagacc1380
 tggtcggggc ccactggaag catccagaac agcaccacca tctaacggcc gctcgaggga1440
 agcaccggc ggtttgggcg aagtc 1465

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cggccggagg agcaggatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgtcttggc tgcgccgcgc 60
ctcggccccc ttgcccggac ttccggcgcc cggacgcctc ttgaccagc gcttcggcga 120
ggggctgctg gaggccgagc tggctgcgct ctgccccacc acgtcgcgcc cctactacct 180
gcgcgcaccc agcgtggcgc tgcccggtgc ccaggtgccg acggaccccc gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tggaggcgca 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgccggat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagtccac cgtcgctacc gcctgcgcgc tggcgtggat ccggctgcgc tgacgtccgc 420
gctgtccccg gagggcgtec tgtccatcca ggccgcacca gcgtcggccc aggccccacc 480
gccagccgca gccaaagtagg agggggctgg gccgcgccc .caccgccgga gcctcctcag 540
gctccctcta ttaaagccga tctgactccg ccagccaga tgtcccgagt gcgccaagga 600
ctgtcctctc acccactcct ggattctgcc ctgacctcca tcctggacac tgccttgata 660
acatagaccc ttccactgac accctcgctc tcagagcccc tccagctttc cgacccccaca 720
ccgacaactc cccggcttcc agaccctacc agcactacc taacctcag ccgacagtct 780
cagccccacc gaccacttt cttggcatat agcccactt aagaccctc ctctacttcc 840
ttctgagtec tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
ccccccaaac gtctggact gcacagacct cccactccag accatccagg cctgggttccc1020
aagaccgat ccttccctg caaccagaca gtctacaact gccccctcca gcccattttc1080
tgccgtgaca ccccgccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccaaact1140
cttggaacac aggcgaacta gaacacccaa caccaaaactg tacagactct cccacccccaa1200
cccccaccga ctctgacagg atgtcctagg cccctcccc aactctaacc agaccccatc1260
cccctaagtc ccttgcctt gacccccaaag tcttcaacca gatatcctcg gcaaccacc1320
tccccccctc cctctctct ccttcaagac ccaactgagc acccgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgcaccac tcccttagtc ttcccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgg ccggaatt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
 aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttggtcatt ttatgttaag120
 ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac180
 tcttttcca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg240
 atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc ctctcatga tccaactaat300
 gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccctgaata ttgttatgt360
 agataacaag acctcagtcg cttcctgttt ttacacatttt ctttttcaaa tagggtctaa420
 ctcagcaact cgcttttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480
 ctagtgttcc atgctgtgtt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg540
 gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggtaggtt gacactagcc caatgaaatg600
 aattaaagt gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660
 tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttctg ttatttttca720
 agaataatca cgcttttctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
 gct 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

tctgtttctgt ggacaactgt tactgttctt cgtgggcaa ccatggcggc caccagccct 60
 acccccgtc cggccacttt ccctggacag tgccctcgca ggagtactca caccogctcc 120
 cgcccacacc ctccgtccc cagtcccttc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180
 cctcccagca gccgggccac caggatttct acagggtgta tgggcagccg tccaccaaac 240
 actacgtgac gagctaacgc cagcaggcg gcggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
 ccccgggctc gggagttatg catccagaga cctgcccttc taccttctc gcctccccctc 360
 ttctcattc cattgccca ggtcttttcc ttttggattt tgttttggt ttgctttgt 420
 ttttgatttt tttttattat gaatctctg gacgcagagg tgacagtgg agctggcctg 480
 ggccaggacg gcaggtggcc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgagg gctgagctct 540
 ctctctgttt ctctttttt cctctactcc ttccccttca caccctcggt gctggaagga 600
 acctcggtt cctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccaccg ggaggaacgc 660

```

ccaggggcccc gggcttgttt ctctcttctgt ttctcttttg ggcagttcga tcaatgacg 720
agtaaggaat gacctttaga ttgtgcgact ttgtttttg tctttttaaa tttttttaaa 780
ccaagaatga tttctcctgc ttcttctctc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
cactttctcaa gcagcttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
ccctatgtcc aggaaagggg aaaaggaaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaaagca 960
aataataata atattaataa taataaaaaga gaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata1020
gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1386 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

cacactcact gcccatgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
gcaagagggc tgcaccttag gttctgaccc catctgcctc agtgagagcc aggtttctga 120
ggaacaagaa gagatgggag ggcaaaagcag cgcggcccgag gccacggcca gtgtgaatgc 180
agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtgg gtggtggagg atgctccaaa 240
cccgatgtc ctgctgtcac acaaagatga cgtgaaggag ggagaagggtg gtcaggagag 300
tttcccagag ctgccctcag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
aaaagccaaa gggttatagg ggtacactta ggggttgcat gcaagctgtt accaaaaaat 420
ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
taataagaat tacaaagaca atggcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600
gagggaaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
ctgcactttt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
aatgcaaatg tatactgtaa gtctaccttt actatctact atgcctactt caccatctct 780
taaggactcg gcattttgtc acagtccagc tgcaagagag ggtaggtcat gaacagtcac 840
ccgtgctggc tgtagccccc acagaggcaa tcatgcccaa tagattcaag agaagctaag 900
cggaaatgga ggggtggaagg tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcatcctgc 960
tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa1020
ttcagatgag gcaagaaaat tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaattagg1080
cttagactgt gcaaagggct tagctaagtt atcgagctta aaaccctgca attaaacaaa1140
cattatttga acagttactg catgccacgc actgtgttgg gcttagtaat aaaaaaaga1200
aaagataagt gcttgttcta gcataaatta aaaggtccaa gggaatttaa tctggaagag1260
aacatatgcc aattttttaa ctatgacagc ttttttttcc tctttccatt caaataggcc1320
cgggttcagt ccagaaaggg cacaatatga atgaataaat aaataaatga ataaagaca1380
aaaaaa 1386

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagtg aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatggtc gctgggtccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctcccg gaaaacataa cacatatact tgttcattggg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtg tacctttgag 300
ggagttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcctgcagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaaagtcag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtggg gtggaggggg ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatatccc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcc 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtcctctc ctgcaaacca 720
aatccatgcc ctgttccttt tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaattgtgc catcaaatgt agggagggtt ttctgtctga gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccga cgagacgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcattgtgtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgctc gaggcgtaca ttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt 1020
gtttgtttag aaaatggaac atggacatca cctcctatgt gcagagctgt ctgtcgatgt 1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaagctgt gttcctgtcc agagggtgtg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttcctt gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggcccttt accagtgtga ctgcccgctt ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt 1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaagga ggactgggtt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcacac 1440
tggaacttat gcaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact 1500
tgggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgttattc cttgtgacat actttcttac 1560
atgtttccat ttttaaatat gctgtatttt tctatataaa aattatatta aatagatgct 1620
gctctaccct caaaaaatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagtccc tggtagacat 1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgctac taaataaaaa 1740
aaaccgc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1526 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gagggccggga gcccgcgggc cggagccggc 60
cggccgaggc gtgggggctg cggggccggc ccatccgttg gggcgacttg agcgttgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcccca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtccccgcg agcagccaca gcagccgctt ctgaatctcc agggcaccaa 360
ctcagcctcc ctctcaaacg gctccatgog gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cagctatgac actgccgggc tcaccatgcc 480
cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tgcagcccc 540
cagcctcaca cccccacaac tggccactcc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtcc ttgctgggac ctctctctgt tgggggtcccc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaacccc agaaacaggc ccggacctcc tcctctacca cccccaatcg 720
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagaggggtc 780
tgaggaagcc gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgcctgccc 840
agaggacatc gccaaggaaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggcgtc 900
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcaggc cggatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020
ccagacctgc tgcctgaggg cctggaagcc caagtgtgtc cagcattcca gccacgggtc 1080
ctgcaggtcc agggcccagg gcagtcacag actcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140
caggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200
ctgcaacaga agcaggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcaggtg 1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcaggtgca gctgcagcag 1320
gaggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca ttccacagcc 1380
cccagggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacaggt 1440
gcacacacag ggcacagcca agcttccagg cacagggagc ttcttccggg cgcgggtgtt 1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc
1526

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccgagaaaa accaatttaa tgcttctgtt ctcagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60
tggatacaac agaagaaaaac aaccacacaat ttttggaaaa ccctttgtcc aatgattcat 120
atattgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaactc caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tcggctcgag ggcggtcacc tggagatgag aaaggcccg 240
gggggggacc atgtgcctgt gtccacagag cagccgagag ggggggagga cgctgctgcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggcccg acaatgccaa gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac ggcgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaacct cctgcctgat gtccagggtg acgacctccg tggcgccctg 540
gatgccacgc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tgggtccacag ccggcagctt 600
agacaggcgc ctgggcctcc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggcacgcca 660
gccactgccc tcctcgcca gcagcaggtc tgtctcagcc gcatccagc caaactctgg 720
aggtcacact cgctctccc cagggtttca tgtctgaggg cctcaccagg tgtgagtac 780
agtataaaag attcactgtg gcatcgtttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgag 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctggtgcac tcccaggctc aggtctggga gctgctgct 960
ctgtggtcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc 1020
cgtgcgtgga ggtgcgcatg gctgctcatg gtcccaacac aggtactgt gagagccagc 1080
atccaacccc acgcttgag tgactcagaa tgataattat tatgactgtt tatcgatgct 1140
tcccacagtg tggtagaaag tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaaaa

```

50

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

15  ggtattttcta aaacataaag aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
    tctgcttttt ctctgaaaaa tctttcattg cttttggtgg aaattttacct agagggttaca 120
    accacaggat gtagcttggg ctcttatttg ctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
    aggataaagg aaaaaagcaa tctattcatt atataacaca gttgtttgta ttacttgttc 240
20  cctgcaaagg aaatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaaccaa 300
    aaaaggcttc ttatggtgca gcaggaaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
    atagcattta aagagcgcca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtagtcggtt 420
    tgagatcatc ggcttaaaag tatcctagga tggtaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480
    ctagtgggtg ggtatgcagg aatgagaagt gttttcttct catttctctgt tggacagggtg 540
25  gcaatcttag cagagccact atttggagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600
    gccttctggg catcctagga ctatttggag ttctccaaaa ccttgtaaga ggcatgtcag 660
    gcatgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcactgg cagcataggt ctcatcttgg 720
    accatacagt cccactttat agaagagggt ggaagttctc caaaacaata tccacaacaa 780
    agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtgggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
30  ggagtaagag gaatttgcct tccctgtctg cccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
    gggtggggcc aaggaaagtga tgtcagtggt acagaaggga gagtttagacc tccagacgtc 960
    agcctccctc ccatggggta cattttcaat ctgagtggtg ttgccttagc tgtgttggta 1020
    ttagtctgat tggttgggtc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgttttagttt 1080
    ttaggacttt gcctcttctt ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagt 1140
35  cggttttcat tgccagctca agagcgacaa tcatttacga gttcctatgt tatgttaggt 1200
    gccttatgta tattatccca aatccactgc atggtttaaa tacaggcact ggaatataaa 1260
    tgaaaaaggt cattacagtc actgactttc tgcaggacct taaacatttc tctttccaca 1320
    agtttccctt taatcatgtg tcaaacctct ctccctgacg ggaatgttgt gctataatga 1380
    atctgcataa cgcttgggat tctagaggga aggaagggtc catggacatg taagtacagc 1440
40  atattccctc cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtta gattgggaat 1500
    ctgagcattg ccactttaat cttagaatat ttatcatttt gacacatcct gttttttaga 1560
    gagggaaaaca aacacagttt ctgcattggt agtgtaaagc atacctgtgt aggaacgtgt 1620
    tttgtaagac acatttgggt tgtcattcta gagcatgtca aactttgtac ttcaaaatat 1680
    atttagtagt attgtagtg gtaacataa tcaaggcttt gaattaactg ttttatttaa 1740
45  ttttcacaag aagcacttat tttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct 1800
    ttaaaataag cccaggttat ttagctattc tagaaagtgc cgacttcttt caagaagcag 1860
    gcattgtagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagcctggc agcaagagtc 1920
    acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aagggggtag 1980
    actaacgtat gtgagacctt tttcctattt gcagttacaa ggttaaagaa ctttgaaggt 2040
50  cattcgctg ctaagaggca tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaacctcc 2100
    taagagcaga agacacatgg ctgttagtgt ctgcgtttag atttaatttc tcaaataaag 2160
    gcccttggct gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcacccccat 2220
    tctaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg cccagcaggc 2280
    agggcatttg aagtcattgg catcaaaaag aaatgattgt tttttgaaa gctaaatgct 2340
55  taaaatgctt ctagagggaa gtcgtggggc gtgtgtcat tctctttaa atcagggttg 2400
    ttgagtttgt ttttaaacat ttttataagt tcatgagaaa aaatatataa attctaagaa 2460
    ccaacactgt attcccagaa acatgacctt cgctgggtctt ggggtccacat atcattggac 2520
    tctggggggac acaaagatgc ctgtgacact ttgggtgttc cgagttagtc aacaattati 2580
    ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtccta ccagggttgg ccaagggcca 2640
60  caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc 2700
    cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct 2760
    atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatctt 2820
    ttttcttgat gtcgtcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaaact gtatgtttct 2880
65  gtgggtatgta tatttgtaca cctaactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga 2940

```



```

ggcaattgaa taaagagaaa ttttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaagg tggccagcca ataaagtgc tcccaagtat acaggggaga3053
aagctagact cctacagggg cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
taatttttct aattttttat ttttgggtcc aaatgtaaaag ctccctgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggata catagtcaag atatacataag gacctacttc ccagcctacc tttcttctctc3300
tacctgataa tgataaatac caaaataaca acattcaaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa3420
aattttttaa tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgtacttg gccctgagtt gaaaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaataaa caaaagccat agtggtttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720
tggcagtcac tcaaaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggccctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccttgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
gagattcg

```

3968

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

gtaatgggaa atttgggtgt ctgaatcttc ttcttaggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtgggtat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc cctagggtag tagaaagagg120
agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctctgttaga agtggaaatg tcatacagg180
tagcaaacac tcttgggtcc tttttgccc ggcttgccc gagccggcaa cagcaacaaa240
atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagttag acctcgctac agtgggtccag420
cacctcctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
ccaatggatt tgaacagaag cgcttgcca ggcttgccag caagaaggca gtggaggaa540
ttgcctacaa atggagtgtt gaggatattt aactttctg aggtgtggg ggtggctggg600
ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtggtaa cagttgtctg tgctaataat660
tggagcccac acagaccagc aacttgtag atgccagttt tgaccacaga agaataatcg720
agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
ggtgggtttt cagaggaa

```

798

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1068 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

ccccctctctg tgactcagtc tctgagcgtt ttaatacgtat ggtgtccccg cgggatcaaa 60
cttcagcgtc acagctgagg actggtctcg tggctccctga tgggagagca tgaacaggtg 120
gtatgtgaag cccttggaag ccagctcttc caaagtcaaa gccaaagacca ttgtgatgat 180
tcccgactcc cagaagctcc tgcgatgtga acttgagtca ctcaagagcc agttacaggc 240
ccagaccaag gctttcgagt tcctgaacca ctcaagtacc atgttggaga aggagagctg 300
cttgacagcaa atcaagattc agcagcttga agaggtgctg agccccacag gccgccaggg 360
agagaaggag gagcacaagt ggggcatgga gcagggccgg caggagctgt atggggccct 420
gacccaaggc cttcaggggc tggagaagac cctgcgtgac aqtgaggaga tgcagcgggc 480
ccgcaccact cgctgcctgc agctgctggc ccaggagatc cgggacagca agaagttcct 540
gtgggaggag ctggaactgg tgcgggagga ggtgacctc atctatcaga agctccaagc 600
gcaggaggat gagatctcag agaacttggg gaacattcag aaaatgcaga aaacgcaggt 660
gaaatgccgc aaaatcctga ccaagatgaa gcagcagggt catgagacag ccgctgtcc 720
ggagactgaa gagataccgc aggagccagt ggctgctgga aggatgacct ccagaaggaa 780
ctgagtgata tatggtctgc tgtgcacgtg ctgcagaact ccatagacag cctcactttg 840
tgetcggggg cctgtcccaa ggctcagac ctaagaggcc acaaggggca ccagtgcctg 900
agccctccac tcccctcctg ggactctgac tccgactctg accaggacct ctcccagcca 960
cctttcagca agagcgcgcc ccccttccca cccgcttgag cagccgggac tgctctccct 1020
gaagaccctt ccagagagaa aataaactag ccagaccct cctctaaa 1068

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4584 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

ctcgagccgc tcgagccgcg gaagtaattc aagatcaaga gtaattacca acttaattgtt 60
tttgcatgtg actttgagtt aagattattt tttaaatcct gaggactagc attaattgac 120
agctgaccca ggtgctacac agaagtggat tcagtgaatc taggaagaca gcagcagaca 180
ggattccagg aaccagtggt tgatgaagct agggcttggg gcaagagggc aagcagcagt 240
tggtggtgaa gataggaaaa gaggccagga gccagtgcca tttggtgaag gaagctagga 300
agaagggaag agcgctaacy atttggtggt gaaaagagga attgggagtg gtaggatgaa 360
acaatttgga gaagatagaa gtttgaagtg gaaaactgga agacagaagt acgggaaggg 420
gaagaaaaga atagagaaga tagggaaatt agaagataaa aacatacttt tagaagaaaa 480
aagataaatt taacacctgaa aagtaggaag cagaagaaaa aagacaagct aggaaacaaa 540
aagctaaggg caaatgtac aaacttagaa gaaaattgga agatagaaac aagatagaaa 600
atgaaaatat tgtcaagagt ttcagataga aaatgaaaaa caagctaaga caagtattgg 660
agaagtatag aagatagaaa aatataaagc caaaaatttg ataaaaatgc actgaaaaaa 720
tgaggaaaatt attggttaacc aatttatttt aaaagcccat caatttaatt tctggtggtg 780
cagaagttag aaggtaaaagc ttgagaagat gagggtgttt acgtagacca gaaccaattt 840
agaagataac ttgaagctag aagggggaagt tggttaaaaa tcacatcaaa aagctactaa 900
aaggactggt ttaatttaaa aaaaactaag gcagaaggct tttggaagag ttagaagaat 960
ttggaaggcc ttaatatag tagcttagtt tgaaaaatgt gaaggacttt cgtacacgaa1020
gtaattcaag atcaagagta attaccaact taatgttttt gcattggact ttgagttaag1080
attatttttt aatctctgag gactagcatt aattgacagc tgaccaggt gctacacagall140
agtggattca gtgaatctag gaagacagca gcagacagga ttccaggaac cagtgtttga1200
tgaagctagg actgaggagc aagcgagcaa gcagcagttc gtggtgaaga taggaaaaga1260
gtccaggagc cagtgcgatt tgggtgaagga agctaggaag aagggaaggag cgctaaccgat1320
ttggtgttga agctaggaaa aaggattcca ggaaggagcg agtgcaattt ggtgatgaag1380
gtagcaqqcc qcttqqcttg gcaaccacac ggaggaggcg agcagggcgt gtgcgtagag1440
gatcttagac cagcatgcca gtgtgccaa ggcacaggga aagcagtggt ttggtaaaaa1500
tccgtgaggt cggcaatatg ttgtttttct ggaacttact tatggttaacc ttttattttat1560
tttctaatal aatgggggag ttctgtactg aggtgtaaag ggatttatat ggggacgtag1620
gccgatttcc ggtgtttgta ggtttctctt ttccaggctt atactcatga atctgtctg1680
aagctlltga yggcagactg ccaagtcctg gagaaatagt agatggcaag tttgtgggtt1740
tttttttttt acacgaattt gaggaaaacc aaatgaattt gatagccaaa ttgagacaat1800
ttcagcaaat ctgtaagcag tttgtatggt tagttggggg aatgaagtat ttcagttttg1860
tgaatagatg acctgttttt acttctctac cctgaattcg tttgttaaag gtagagtttg1920
gatgtgtaac tgaqccgggg gggagttttc agtatttttt tttgtggggg tgggggcaaa1980
atatgttttc agttcttttt ccttaggttc tgtctagaat cctaaaggca aatgactcaa2040
ggtgtaacag aaaacaagaa aatccaatat caggataatc agaccaccac aggtttacag2100
tttatagaaa ctagagcagt tctcacgttg aggtctgttg aagagatgtc cattggagaa2160
atggctggta gttactcttt tttcccccca ccccttaat cagactttaa aagtgtctaa2220
ccccttaaac ltgttatttt ttacttgaag cattttggga tggctctaac agggaagaga2280
gagggtgggg gagaaaatgt ttttttctaa gattttccac agatgctata gtactattga2340
caaaactggg tagagaagga gtgtaccgct gtgctgttgg cacgaacacc ttccagggact2400
ggagctgctt ttatccttgg aagagtattc ccagttgaag ctgaaaagta cagcagagtg2460
cagctttggg tcatattcag tcatctcagg agaacttcag aagagcttga gtaggcaaaa2520
tgttgaagt ttgttttcca ataattgtac ttcttaaaag ttttattaaa ggggagggggc2580
aaatattggc aattagtttg cagtggcctg ttacggtttg gattggtggg gtgggtttag2640
gtaattgttt agtttatgat tgcagataaa ctcagtcagg agaacttaaa gtcttagaat2700
ggaaaaagta aagaaatata aacttccaag ttggcaagta actcccaatg atttagtttt2760
tttcccccca gtttgaattg ggaagctggg ggaagttaaa tatgagccac tgggtgtacc2820
agtgcattaa tttgggcaag gaaagtgtca taatttgata ctgtatctgt tttccttcaa2880

```

```

    agtatagagc ttttggggaa ggaaagtatt gaactggggg ttggtctggc ctactgggct2940
    gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgtttgg atctggtagt gtgtgggttct3000
    cttttggaat ttttttcagg tgatttaata ataattttaa actactatag aaactgcaga3060
5   gcaaaggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
    caaacttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagc ctggcagtat gatggcctag3180
    atgcagagaa aacagctcct tggatgaattg ataagtaaag gcagaaaaga ttatatgtca3240
    tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattcttac tactgatgag aacattatct3300
    gcatatgccca aaaaatttta agcaaatgaa agctaccaat ttaaagttac ggaatctacc3360
10  attttaaagt taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaata3420
    caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcgaa3480
    aagaaatgaa aatgttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
    gatgagttgg gatcaagtgg attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatgtt tcgtttgcct3600
    cagacaggta tctcttcgtt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
15  gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcattctgca gtattgcatg ttagggataa3720
    gtgcttattt ttaagagctg tggagttctt aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
    ccttccttag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagccttttt aaaattgtag3840
    gacttggttc tgtgggcttc agtcatggga tagtacctt cactcagagg catttgcatc3900
    tttaaataat ttcttaaaag cctctaaagt gatcagtgcc ttgatgccaa ctaaggaaat3960
20  ttgttttagca ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaat agcatgatgt gctgttagaa4020
    tcagatgtta ctgctaaaat ttacatgttg tgatgtaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
    cattcaaaaat aataaactat tttattaga gaatgtatac ttttagaaaag ctgtctcctt4140
    atttaaataa aatagtgttt gtctgtagtt cagtgttggg gcaatcttgg gggggattct4200
    tctctaactt ttcagaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
25  agcggaagaa cgaatgtaac ttttaaggcag gaaagacaaa ttttattctt cataaagtga4320
    tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
    cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaagg ttaaacacat tttatttcca4440
    gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga tttagagtaat actttttcac atttccaaag4500
    tttgcatgtt aacttttaat gcttacaatc ttagagtggg aggcaatgtt ttacactatt4560
30  gaccttatat aggaaaaaga tgag
                                     4584

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 982 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

    gtggaggggg cctgtggtt agcagcagct atcgagcgt cggtgttca gagcagcaga 60
    agccggcgtc gtggatgtt gtgttgccc ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
    gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180

```

DE 198 18 620 A 1

```

atggatatgg aacttggaac tctgggacaa atagaggcta cgagggtat ygcctatggct240
atggctatgg ccaggataac accaccaact atgggatgg catggccact tcacactott300
gggaaatgcc tagctctgac acaaatgcaa aactagtgc ctcgggtagc gccagtggcg360
attccgtttt atccagaatt aaccagcgt tagatatgtt gccgcatttg gagacagaca420
tgatgcaagg aggcgtgtac ggctcaggtg gagaaaggtg tgactcttat ggtcctgcg480
actcgagggc cgtcctgagt gagcgcgacc tgtaccggtc aggctatgac tacagcgagc540
ttgacccctga gatggaatg gcctatgagg gccaatacga tgcctaccgc gaccagttcc600
gcatgcgtgg caacgacacc ttccgtccca gggcacaggc ctggggcccg gatgcccga660
gcggccggcc aatggccgca ggctatgggc gcatgtggga agaccccatg ggggcccggg720
gccagtgcac gtctgtgtgc tctcggcttg cctccctct tctccagaa catcatcccc780
gagtacggca tgttccaggc gcatgcgagg ttggggcgcc ttccggggcg gcttcccgtt840
ttggttttcg ggtttggcaa tggcatgaag cagatgaggc cggactggga agacggggac900
cacagccgat ttgcgaacca agaagaagaa gagaaagcag ggcggcattc tgattgagcc960
agttaacaaa gcagccgaa tt
982

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 742 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

```

ctcaacttcg cagcactcgc tgcctcaagc cgacgcagcg gcctactctc gcactgcaga 60
cggggaaact gagggccgag gcggccgggg tggggcagac ctcccggcga gcccgagccc120
ccgcccccg ctagccccgc cctggcccggt aagaagcacc cggggcgaga ggcgaaggcg180
cacagcgagg ggcagagctg ggtccagcag cgcgatggca gctcagcggc tgggcaagcg240
cgtgctgagc aagctgcagt ctccatcgcg ggcccgcggg ccagggggca gtcccggggg300
gctgcagaag cggcacgcgc gcgtcacctg caagtatgac cggcgggagc tgcagcgcg360
gctggacgtg gagaagtgga tcgacggggc cctggaggag ctgtaccgcg gcatggaggc420
agacatgccc gatgagatca acattgatga attgttgag ttagagagtg aagaggagag480
aagccggaat atccagggac tctgaagtc atgtgggaaa cctgtcgagg acttcatcca540
ggagctgctg gcaaaagctt aaggcctcca caggcagccc ggcctccgac agccaagccc600
ctcccacgac ggacgcctca gccccctcca ggaccgggac cggactgctc adccctgacc660
ctcttgact ctccctgccc cccggacgac gccagcttg cttgtgtata agttgtatt720
aatggttctg taacaataaa aa
742

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2330 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

30 gtttggacaa gttgttttaa taggaaatag acctgcgtgc ttcataaggtt tcctcaacca 60
   cctttcctca gctttcttaa aatgggatct acattggctc ttcacaccca aatagcagac 120
   taatcgtttt tctgcttagc accgtctggg tcattgtctt gaactctgcc ttacagcagc 180
   aagaaaattt tctcgataa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc cctctctggat 240
   tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatggtcttt ccttcaaagc 300
35 aggtctgaag aggagactac caaagcagtg ttacaaaacc cagagtccac acaaccatat 360
   tgcatagaac agcacttggc ttccacaagc ctctacagg acctgggtga attggagtga 420
   aagggcagag acctgggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
   cccaggggc tggacatag agcaggggtg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
   tcacagaaac aagccttctg cacacagaaa tgagttctgt ctactgggtg acttcatccc 600
40 tcaggctcca gctgagcaga gattttaatc agcttcttta atgggtattg aactgctca 660
   ggaagcagta gacctgtca gggacageta ttgatctttt gtgttctgat tagattggaa 720
   aatagatcaa ctlcattgta gtccaggaac tgttggtcac agctactagg aatgaggtga 780
   tttctgagg ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
   agatgcattc acttctcctt tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccaggtttg 900
45 gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttccgggaga ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
   tgtctaaaga caataccatt aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaagg ttagcaattt 1020
   gggataact cttgatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gccagagct 1080
   tttaaaatga cgtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caattttatt 1140
   tattaaatca tatcttttgt ttttccccc ccttctaat ccccaaaagg acctatttga 1200
50 gctgttccc aattcatctg cttatttttg accatgaatc tgccagagtg atattttctg 1260
   ttattttctc tccaaatttt tccctgatgt ttccaataaa gatttacttg ggtggcccc 1320
   taaggtgaca tcaggatgct cttatgtctc tcagaataa gcatacact cactcctctc 1380
   ccttcatct cctctgcat tcttaattcc ttgctttct cacttgagc cgagggtgct 1440
   ttgagagagt cgttttccat gaatcagcca agattcctgt agaagttggg tatacctatt 1500
55 ccagtttcaa agctcctcgg ctatgcta atgtccctcag agatgaggtt tgacttttag 1560
   gcccgatat ctcctccata gcctggccaa ggagaccatg agtagccatg tctgggtttac 1620
   tctttatct cagactgttc gtttatagct taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaal 1680
   cctaatacat cagtgtatca gtgcattctg tggcacagc tcagcccatt caaagagcaal 1740
   ggattcagga aaggcacact gatggtgggg agcctcttaa gagcctctaa tgttctccal 1800
60 aaaccagagt tgagagtcgg agtgccagtc gtcggggccc actattcctg aataagggac 1860
   atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatatc tgtgcctttg cctgtccttt 1920
   ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag 1980
   gtaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtggggtg ggagagggtt 2040
   ctgagaggag gcagcaatcc agaatacctc ctttctagc cagcatccct tgaacttttg 2100
65

```

aaaggttggtg cctaccactg gctggcacac cagggcaatg atttcctctg agaaggaagg2160
 aaagaatgtt ttcacccttg catcttctt gggagagct accagcctgt tgcttcagtt2220
 tgagttggtt tcacattcag gattttgggg ttttatgggt tttccttctt cctgtgttt2280
 tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aagggccacc tgagggtttc 2330

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtcttg cacatcctgg aattcgacta 60
 tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtgggtcaa 120
 gtggaagtgc atggtgagca cggcagtggt aagtcgccag aaggagagac actcgggtgag 180
 ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240
 tgagaagggc acgtcggcgc tgatgacggg ggagctggac gaggaaaggg gggcccagggt 300
 ccaggttctc cagggaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggt 360
 ggtgcactcg gggagcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcggctgta 420
 ctgctgctg ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480
 cagcctgagg tccagaactt ccatggtggt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540
 gtggcacgga tgcaaagccc aggccacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600
 gatcaaggaa caatgtcccc tggaagcagg actgcatagt agcagcaaa tcacaataca 660
 cgagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720
 gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggaagtgtt aacttcgctc ccgcctgtt 780
 catcctcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840
 cccctctgtg gtcagttcca tgcccttctt gcaggaagat ctgtacagcg cgccccagcc 900
 agcaattttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960
 cgagaacaag atcactgggt ccgcccgcac ccgctgggcc tccgaccgga agagtgcgat1020
 ggagactgtg ctccagtact gcaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080
 ccttatccac gctgtgtctg agcccctgac attcaccat atgtttccca gctgggagca1140
 cagagaggac atcgttgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcacctt1200
 cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260
 caggccactc ccggaggggt cgatcctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320
 ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccctgcccgc ctggaagcag1380
 gtgaacctga agaagcaaaa aggcctgttc tgagtgggga gacgccagag gagcctcacg1440
 gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500
 ttcacaaaagt atttttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgcttg1560
 tccccgagtt gtgtattttg taaatgttca agggaactgt ttggaaactt ctttcacacal620

65

DE 198 18 620 A 1

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaagta tctgctatgt gcacttaagc cgtagctgct168)
atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgcct ttttctttt tttgaagcag1740
ttctctttat aaagtgttat tttgatatgt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800
tatggattta acaaagcaat atgtattcat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

cctttcctca tctctattaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgaggtga 60
atgtggaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaagt agacatttgt ggggctcaca120
caatatatga aatagtaccc tctaaaaaag agaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180
agcaacattg tcttattaaa gcatagttaa tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240
tattacatac ttcattacta ggaagtctct tttaaaatga cacttaaaac aatcactgaa300
aacttgatcc acatcacacc ctgtttatct tccttaaaca tcttggaagc ctaagcttct360
gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420
taaaggctgt ttgcaccttt aaggaccagc tgggctgtag tgattcctgg ggccagagtg480
gcattatgtt tttacaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcattgttg tttgcttggt540
gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttctttc atatggtttt600
tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccaggttt660
ccatcctaata agggaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720
cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct ttaaggata tgtttaaata ttattttatg780
tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1932 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60
 aggcgggggt ctggcgagtt ctccctccac cttccccac ctttctctgc caaccgctgt 120
 ttcagcccct agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct tttcaggacc 180
 caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctctc 240
 ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcttaga agccaacaaa 300
 ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcggaagtg gatgagagaa 360
 aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttaccccc tgccacctca gattttcaat 420
 gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480
 tatgccttct taggcttgac agccccacct ggttcaaaag aagcagaagt gcaagcaaa 540
 cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
 ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggccttaatg ttgaaataat 660
 agattagtgt ggttttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720
 ttatgggtgat tatgtgagg agaatgggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
 atcgtagaaa tagtgttgtt acctgccaag ccatacctgta tacaccaatg attttacaaa 840
 gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
 cattaanaag gagaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960
 catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgcag 1020
 gtaatgttta tgatatgtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attccattc 1080
 tttttagatg gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc 1140
 tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga 1200
 ttcattcagt ggacaagttc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa 1260
 gttccttgcc tcagtgaaat atgcataatg atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct 1320
 taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacagggtg 1380
 gogatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgct aaaacaaatc ttagtagttt 1440
 tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat ctacctttt 1500
 tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct 1560
 atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaataaaa agggcaactt ttaaaatatt 1620
 aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca 1680
 tagtaagttt cacactacct tattaccaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta 1740
 tcatgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga 1800
 gatgcctttg tttcatgaga ttcaaaactg atgctatgct ttaaaataaa ctcagtactt 1860
 ttagaacat aaaaaaaaaa aaaaaaaggc gacccccga gtagtgggac cgcgcccggg 1920
 gatttttccg gg 1932

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES1s durch Assemblierung und Edtierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

atatatgtta agacattccc ttgctaatta ttttcttctc tgttggttcta tttttttggt 60
ccagtttgcgt gtttttaaaag ttttgagtc cagctgggtcc tgtacattta actgaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
25 ttgatattgt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaag 240
agggttatgc ttattgatga actcttgtag ttgtttacca gctctgttag tatagttaaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atggttgaag tccaaataca tgtgataatt 360
acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggctagtgt aaatgcattt tatttaccga 420
aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagtgt aaagcaagat actcagttaa 480
80 gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacaggtggg ggcagcaata ttggtgtgat 600
tqaggttatg ctggcaccac tcgcacacag gcgcacaatg gtggttagctg ggcagaaaaga 660
gtggcatctc tggctaccgg gctggggggcg acctttacca taggatgaag taaccttgca 720
ttcggctgca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctggc gatgtccact ttctgctttt 780
15 ctttctttct ttttttcttt tttaaagtaa ttcccccac agtaaaatc actgactcct 840
gagtaaattg attttccagt tttatggaat tgggagtctg acaagtgaag ccaatttaat 900
gtaaagtatt tggctttcaa atggtttctc tgtgctattt ttggaattc tttcagattc 960
cagagatata ttacgtcttt gattcaattt aaaatttgta cttattttct tttagaaata 1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaaaa ccaaaaagga ttgctttact ccaagaggag 1080
40 agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agtaaacatt 1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt 1200
atatgaactt attcttaaat aattgaaccg ttttatattc aaatgactta tgatcgtggg 1260
tagtttggga aaaataagat ggttaaattt tgatttattg aaatgtaatt gtattatttt 1320
45 cataaaatag cattttcatt ttgtaattgt gtttaacatc cttgttggtt gccaaaagaa 1380
ttcattttgg cctgtgaatat tctatttgct tgcagtatct gtttctcttc ctaggctca 1440
gttggtgacc caagcctatt gtaaacagat gattatctca aaggagatg ccaatggagt 1500
aacaatttgt taaccttacg ttttctgtct gtatattttt ttaaaaatct ggtagtttct 1560
ggaaaaaaaa gagaaggggg tttgtagtac ttaaccttat ttatttccgt atattttagt 1620
50 taattagttt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tggttaaatt gcattgcctt 1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt 1740
tgcatgtctg ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata 1800
ttctttaaat tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagttt 1860
tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgcctt 1920
55 tttattgcag gttttccttt ggaatatgga ttctcctgat ggagcattac tggctactgc 2040
acatcaccat gatgtggtag cttgtgactt tctcctgat ggagcattac tggctactgc 2040
atcttatgat actcgagtat atactcggga tccacataat tccagtgcaa gttgcacctt tgagcaatgg 2280
60 tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag tgttttagct gctgggacac atgacggaa 2340
tgtgtatttt tgggccactc cacggcaggt ccctagcctg caacatttat gtcgcatgtc 2400
aatccgaaga gtgatgccca cccaagaagt ctaggagctg ccgattcctt ccaagctttt 2460
ggagttttct tcgtatcgta tttagaagat tctgccttcc ctagtagtag ggactgacag 2520
65 aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta 2580
gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa 2640

```

DE 198 18 620 A 1

tattatttat agacaataga agtattttctg aacatatcaa atataaattt ttttaaagat2700
 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat alitagaat agctgctat atgttgaaig2760
 gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820
 aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aattttaaat tctgggacac tgagttagat2880
 ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatcacc tgaggtcagc2940
 agtttgagac tagcctggca aacatgatga aacctgtct ctactaaaaa taaaaaagaa3000
 aaaaaaaaa aactcgaac tact 3024

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccggctc gagtgcctgc cctctgtccc cgcggtggg 60
 tctcgtctgc tccggttcct gggctcctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120
 gtctgttgtt cccagcgtc tgcgaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180
 gcaggacagg aaaaggagg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240
 aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300
 agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360
 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgtttaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420
 ggcaaaagaa ggaaagtcag agaggagggg agagtcagag atggaggagg tgcagagaga480
 gggaaccgga ggtaggggaa gcgga 505

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PPLRLRLEFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60
HGYLCYSVLA FIAASSFERRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFILF KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPMATCYSA60
DQRTSPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

QVAMGSLSGSL RLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRITYNR 60
VPLHKPTDWQ KKILIWSGRF KKEDEIPETV SLEMLDAAKN KMRVKISYLM IALTUVGCIF120
MVIEGKKAQ RHETLTSLNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

20

GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPFFLSK NWP

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

25

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN

52

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPVWSC FKTKLKWLTQ KLLHLRMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAAKSRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60
YYKMTRVKLQ GGVHIIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQWRRRLF GRRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHFVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFTV VTASLSVFPL60
PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR 87

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60
EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI 95

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

45

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

65

DE 198 18 620 A 1

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLLI SMMFSKMKLD KVDHQLHRVF CKSIYVSKWPR60
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGGKQK ICIFLKSLGH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIIIEIKV SNPTPGYQVK 60
TASLLLGQNC GLLAELFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120
SMERMLVENI LKI 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQRQGKTT QKQELKTSR HQGQLNEDKL KGKLRSLNQ LYTCTQKYSW WGMKKVLEEM 60
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQSLALAE QKCEEWSQY EALKEDWRTL120
GTQHRELESQ LHVLSKLG SR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60
LHSFSPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SCRPWVPHLQ RSLSPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

DE 198 18 620 A 1

5 FLLQPSAFHL YEPPLDYTMT WRMGPRFTML LAMHLVCGSE PHPHATIRGS HGGRKVPHVS 60
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEENLQ PLQRRRSVTV LRLARPIEPP ARSDINGAAV120
 RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSRLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRW VISAPHASEG180
 10 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVR ITSEGQILEQ PLDPSLIPKL240
 MSFLKLEKKG FGMVLLKKTLL QVEERYPPV RLEAMYEVID QGPRIEIKI RQKGFVQCK300
 ASGVEGQVVA EGNDGGGGAG RPSLGSEKKK EDPRAQVPP TRESRVKVL KLAATAPALP360
 QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRVTV AREMTTTFAP TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420
 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTTRR PSKATSLESF TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480
 15 FRDNRMDRRE HGHRDPNVVP GPPKPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540
 ELQGVNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKKK KMKENADKL LKSEKQMKKS EKKSQKEKEK600
 SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKS ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMVYQQR660
 DEYLESFCKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFLDNEK PMRVVDEDL VDQRLISELR720
 KEYGMTYNDF FMVLTVDVLR VKQYVEVPIT MKSVFDLIDT FQSRIKDMEN QKRGVFFEGG780
 KTP 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KMVGVVWVFL RWERMENLF QNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWHTACLG VPRDSRPPTY60
 LSEARAAGHG PSAKPVCDA GALVQEA 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRRPSHRW SWPPPALSSL60
 PDHRFPICPS ENLSQGELKF TGQGTSTFIYF IMLANRT 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60
AANPF PWKRF SHILSHLKKT HTPTTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLI ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSCKPTH PQPFFKAPR 119

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60
SLEKIFTHPL PPQKNPHTN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHEWLSQ QLGWHLLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFHHPK60
GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60
PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

20

HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

25

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SAGIPKLAPK IPLPFSDLLK CYLISGAFFD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM 57

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTIVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVRYF ISLLLNIFYT YL

52

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

TGTFCEFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

LSLCPWPNG FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR

38

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHGHK LNYLNLKLF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAE LGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60
 TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120
 VENLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180
 INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGPND FQLLSLPEE TVVKS 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRPGGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60
 QTCRHGDRGL WTWAAHEWRE LRSGTARKSI KSQNSVFVS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCP KLMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60
 CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELAAF AAAFSSACMR PEGSASLEFN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60
MRILQASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQGRG TFRAHTCRAG GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60
SAGLALYLHT RTAASRGTSR SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSGRIH AELKAAAKAA60
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120
WNSEEIQQOI WIPSVFIGER SSEYLRLALFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240
RVLPCAHAHYH SRCVDPWLTQ TRKTCPICKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

QVTNMSDKSE LKAELERKKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQESDLEKK 60
RREAALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEFEEKT LKKDEENDSK180
APPHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240
AKLSLNRFQFF DERWSKHRVV SCLDWSSQYP ELLVASYNNT EDAPHEPDGV ALVWNMVKYK300
TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVGTT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAATH360
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWSL DMLSHPDQSM ELVHKQSKAV AVTSMSFPVG420

65

DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGFITGI HCHAAVGAVD FSHLFVTSSF480
DWTVKLWTTK NNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPLFAC VCGMGRDLW NLNNDTEVPI54C
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSE VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSLS SSIFP

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

CTFNIESFIY LIVYRTFHHY THLLHNILTS IFKFECTSSF SFNLVKPVIH TNVYCELSSEG60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60
EKGITLS 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVF VIFFLN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IHWSWPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCFYS RSLKIIIVYL LSITLGK 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP 54

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTPPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT 45

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPMGLG QLFMSVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV 43

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYSTI STFISLNDKM KKLLLISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKFHF LKIQDLLGTF60
DPRNTEPASY PKCF

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAASR RFPQPDITGQ DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60
KSDLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120

DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LPLMMPLTC190
LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMPLFVCSI PKSKTKEQIL240
EEFSKVTEGL TDVILYHQP DDKKKNRGFCF LEYEDHKTAQ QARRRLIEW 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKV GGIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPY NPSEAKPSQT APSHPSPYPP NL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QQHHLPQSLG FLNKKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSIILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NEKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60
SFLLRNPNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

20

GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKKVVVS GGRPVGFAGF YCYLGAHSC60
SGVWDSKPGF FRHLTNS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

25

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

45

RSRFHMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA 46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

50

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSHDAHAQ GASTIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFSVGER RETLKHAPPI60
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLPK NTSLRECKKY YWRWKSARKTA MGRPRPGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

RAETRSQGQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEQGQVI60

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPFA SDLL

44

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

65

DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN IWPBKLLTSV LGESHEVNHT SEIYMMLNGE QRPSCCKRCI KYLCCFCMRLCO
RSFSHLSPLE PIRISREÄKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPLPVSCTT KSPSLSSFRY IVRQGRRALR 60
RRAFEALSTL PASVKMRLHY SPEKRARFSH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQHLTYF FPAAQSLHLS HLFDTSSGRA EGHYAAEHSR120
LSAHCQPA 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL

46

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

YLSLCPCWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFKKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL

55

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

RGPGHLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHRFWPLIP NSFPHNSVFL60
VSMKCLES HR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI

95

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGVEPPLLR RLPDSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60
PNNGRSGPGP RA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDLPLLGQGH LSIRRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60
VSESGNLLKR GGSTPGL 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

EANTFLSEDG SNVLQCPVSF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVSLSQAT FSKEGVPLPA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

PTITLVIFLF FLSSRRKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESEHRE QVLPLADKNH TSFL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLIINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRITSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGEFAGPA MFSRGEFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDDL 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPAV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPD S WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60
GPQNPGNL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRCVQSL 60
INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRR120
INLGPVMLIS EGTSSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60
AGDRVTPAVV AYSENEIIVG LAAQSRIRN ISNTVMKVKQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPFDFGE180
KQKNALGEAA RAAGFNVLR L IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTSMQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60
YKRAEERRIV PMGESMKTYA EVDROVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDS QLVIEAYKSG120
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPD LKFGG KSKGKLWFFI KKNKLMSLLT180
GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTSS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPQ PSGI 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

- (A) LÄNGE: 276 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LPTAFLLSSV FWIFMTWFIL FFPDLGAPF YFSFIFSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60
 EEKKVNIITL AETGSLDERT FCTSLIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120
 NHYYIIFLF FLSMVCWII YGSFIYLSSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180
 ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLRLRTPY NLGFMQNLAD240
 FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLEKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQPST PNHPQDRWVQ KNPWFY

37

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

25

KESSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

50

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTS DI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEFGQCFPS PWAWSLHSGK60
QTSGPFPKSQ ECLAAWWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRME TWLLRHWVSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQQDTALHK MAAPLQLPPQ60
PPSLHPRFG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIF RILSSSYGI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAARHSW DLGKGPLVCF60
PLCSDQAQGL GKHWPSPFS EHREAATARE 90

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLNI SLQRDGAFFE PGAGPVSSKA LDVFLVTRRR GCQMPKPSG LVWPRAAGQG 60
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60
IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLI120
QELSKVFPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60
ILSHVFRKYF RKFLNQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRGM VRGPPFISLF60
SIRWQSTGHP WWVSGPRPMP TLPFESR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RMSVVEASFV CLGTTGRCCH WSCRFSNSP FGFLDILETK SEQWPTGGGLA EGYGKRTSFH60
LPVQHMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSEGEWN GVMYAKYATG ENTVEVDTKK 60
LPLIKKKVRK LEDQNEYER SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLERQR AEARERKEKE120
IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAACH 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHTPLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTKTK60
PFVKTLKRAK NLPTV

75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG LKLKQNPLLR P

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEIFHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60
 QTDIQTNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120
 IDGTVKDETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180
 RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLQPSST PITPQILGPK KFH

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFGR RVLKKIQ

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

20

GTLEFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TDPD

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

25

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFFERTPL RYLVFYGS HW LRS LCSRCD LPAFRKPAAI60
SVHPWKRSVQ NAGS

45

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

50

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVKQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

STGNTCQFSC TTGYQGAEST SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

APATPASSVA PQATRGLKGP VLVYLCTSTP GQLLHVGPFG LRLVQWLPST

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQRRGGGLQ ARRSTLLKTC 60
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YSNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120
DQYNFSSSEL GGDFFEMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180
TLP 183

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

CQHVVHCHCDF SSHDPDMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCWNC YRYINGRNSS120
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNAAKEP PPPYVSA 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF CPMGSPALQH TGSPASISGL GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPLMSWI PF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		5
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:		10
GKGIQGMGRP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V	41	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:		15
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		20
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		25
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		30
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:		35
HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF	25	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:		40
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein ^A	41	
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		45
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		50
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		55
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:		
TNASTGTTFLLNSRGPHTG SPHPLDPLS	29	60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:		65

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRPNP SLNLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLLCSSAID CPDVQRETH60
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVDGETEAKL RHLMSACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEVR60
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTP GCLHISQNYF RTIVPKSRVF 60
TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

QVDTLISTRK GLKLQNCQSL DSQTNDFTV TPGID 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLTKT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFQCGCLLNS LEWTSFTKPK PAR

43

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLGVP AAKELSFSPR NGRGQLPRP PGSLTLLFF SSPASRGPAS 60
 LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTLE120
 GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180
 KTVKGPDGLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQEIYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLVWV ALLFFCLLAL ILTFKG 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYGKLLIF PTEMMSQ 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRRMADPAA RC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60
IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHRI20
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTTPEDYRL180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60
FLQPQCSMTH SACHKEGW 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVVEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60
LYQASLLSFP LRMGQVCSGG HSVRFSRGFG RGFKGKYS GG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120
GWGPYLD RGM PGGQ GK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVYPKQGTKE PGKRS GHV KR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNLFK CFKIQSIVEK 60
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLKHL L SGA 103

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQSPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYL VCK VNKKSIIKE60
LCFYQRSLPS EFLHKLMPSL QL 82

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVFNFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

26

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLLSSANS SLKSVAE

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

QQHHLPQSLG FLNKKEVVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQVRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

HAEQHMSILM GKLRRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKERTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60
SFLLRNPNP 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

YILEISPLKP SLAPTSCGIM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DFGLANCVGY60
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSV TTLIRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGYLGL QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60
PWALSPCCSQ HGPHTSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCL120
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LKQHSNQHNN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPDL LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

KFQCPLIVLS AHSIAHLFTY CLWLLFFYKG RVESQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTGF60
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60
ISRKPMECSN EEVVNQGSQD GSMGKE 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

DE 198 18 620 A 1

GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFWRQ GGAYIHSNPD60
VIWSGQGWK 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCIGNFEEL LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEP PKDKNQRQMG SVTGLSSIL NPIEYCGLTK60
CQGGD 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIS GRIPVISLIR YISE

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:	
LILSYSEGKK NYSEIYLRL ITGILPDISN GLRVFN	36
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:	
(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:	
GFLIKYKLN Y LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:	
(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
	65

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFAFCAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60
PFPCYQLIW KLTIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NFGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLTK60
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		10
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:		
SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLLR PSQDIRSFQL	50	20
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:		
(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren		25
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		35
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296: .A		
VLSAHSIAHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL	50	45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:		
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		50
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		55
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		60
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
		65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPSKHHHTKS60
FVKTLPRHKK LPTA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLLC 60
LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPFQARA EFGTSGHELE120
GNSVSYELGP WP 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGLMS HPFLPHSYSL TLMKARDAG PKGKNVLSVF60
SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVGSGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPGSQL IADGVPFKLV120
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40

HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60
CCLRILFLC 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTTKI QNNSIITRLL CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCERYF N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPPQPRSRTI PLSQDSFVLP LSGHTHPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCRCQ PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60
 SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSFG GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPGCGRS120
 LPFSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCEGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRASAF180
 LKRDVGD?LV VAPAFFAVAG HLHQAVALPG VRVRVRDQET MQVSGLGAL GLGRLSQELR240
 QALHARH?HD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVWH IHQLGRLVHP300
 HCEAILALSG HQKLLHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA IIIHSGCGST AVPREKLQNP360
 SQRAQNLPT E LERSSKTFGK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHPCW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120
PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPO TTVWLQPIR 169

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

25

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATE PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60
LGGAGCWWEH GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

50

- (A) LÄNGE: 472 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

SESLTHPGEE PGGPPPGGAP TMAPLVAGP AALRFAAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60
 SLRAVAPGLV RYRHHHERLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120
 TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQEY GEPFLAAMEK LLFEYLCQLE180
 KALPTPQAQQ LQDVLSWMQP GVSITSSLAW RQYGVDMGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240
 PQOQRLALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHFN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300
 KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360
 LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSL PPRARKPVC PSLCSSVITI GDLVLDSDDEE420
 ENGQEGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSE FGGEVFQNH 60
 EPGVYVCAKC GYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSV KRPEHNRSEA LKVSCGKCGN120
 GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

SYGATAAFLS RSEASYFRD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60
 QSGSCSDQGG GGWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFGEDSL SWNWSQGRV QRQGQEKVVR120
 V 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60
RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180
LGTHVNARFK VILENLAPPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240
NRSPEGESR 249

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLP SL 60
IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120
YTLWIPLYEL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSFTLPYPV KIKVRFSEFL QIYLIMIFLG180
LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKI H 204

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

60

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

65

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

RISGCSPRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60
WKAATFYVCA QPYSLEVCLA YSNISLSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120
CLCVCGLVWF ETGSCTVTPG CSAVAQSRLT AALTS 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60
IPINNIIVGG 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSPHP TCSPISKMKM SLPKCIQPPT MMLLIGIWIN 60
FTKKPMNPPI ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

DEKLSSKMY S ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASENQPN 60
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCCLASE NLTLSPSPVN 60
GHRCAQGSSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RSWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVIWCWF PFFVCLLVSK 60
IALLGTAWKV QAFLLARSG L ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQ N GDEPGKTTML 60
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEEY PEVLGSILGA 60
LKAIVNVIGM HKMTPEIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120 5
RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180
AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSFLE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240
LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFQCED SLNHLNLYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300
LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYW KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYDDKNHLI360
IRLMNLGL 368 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren 15
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja. 25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFFTLQQRN RVFDISSYVK EMLQVNCFK LKLPKRPRY IYLVYIMFN ICQSILQVCS 60 35
FISIKYGYV AQLLKWYICV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120
I 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren 40
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

FFFFFFFF HSNVYFFFFFF FFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60 60
YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

65

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

```

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEG L TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
KVIEDRDHYI PNTLNPVFGR MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMWV300
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
EENKQKTDVH YRSLDGEGNF NWRFVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
SMKGWWPCYA EKDGRVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540
SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWWIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

```

IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKRQSS DKSMTWMKCP TGALDIFNFC DYVKEVDFTD60
NGAEANISKR NPNFFP 76
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSG EGKELFEQMC60
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

20

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40

TRSLLYFHMFLILWEEVGIPFTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

45

(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

65

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLNSFVIVEH RG

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

5

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

25

ATCSDNRSKI FQLENLECYV LLEPAICMYR INNFYSEGOV ILRQSQWIK

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

30

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

50

PKGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

55

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWICITWT KNYKIVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60
TLWRLKDLVV SCFLKITGIW RPKVPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFDPYIV120
LS 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKVCWIKAI 60
YTLAKSKAKE IALDPESQQD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFLLQ DLAVTQDGVQ120
WHDH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVEVTF60
SNYHCNDNLS HUYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFFHN KVNDFKNLTF FRRKKKTSYE PSLVNHLVYK60
IFPLEKKCFC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSL KEKTILSSIM IYHCAINQKN60
QVRNTIKTTL KGKNF 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FELTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60
MVIRATYVNA CL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFHSL60
YFRLKIDSFL VLTTLLEGTV VPGKRSRFTV PNH 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL S AKIKPKQKV ELEMAIDTLN60
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRPRPSAQS APLCCGNSWG SGCRWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLHHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRLCH GSADPTNRRA EPQERGEPA GDRRLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
QQTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GYLLYSQVL180
FQDVTFTMGQ VVSREGQGRQ ETLFR CIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240
RARA KLNLS P HGTFLGFVKL 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

```
TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60
FRDLSPLSQA SRASELCSSG LCQGYPSPFW EGPPVPCSL TSLRLCSSV CWVSRAMAQA120
TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKEV180
AGRVRVRAVV QKGRLLRKE K 201
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

```
GRRSRMEIPV PVQPSWLRR SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAELAAL CPTTLAPYYL 60
RAPSVLPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFSP EEIIVKVVGE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120
EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASQAAPP PAAAK 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQPOASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSVAVKPQ 60
PATPDSGTLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHNNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

RTEEEKKKKE KNQOPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSE PTV

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VSMISQLRLF EKNNHAFLNP N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 15 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGKLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSEWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFPLG GVRRVGPPSF QGSRGTFQPR GCEGEGVEEK 60
RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSKTKPKP KQNPKGKDLG120
QWNEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
TWNGMRKRG GEEGRAGLW MNSRARGLG RKIPORPAAC VALARHVVFV GRLPIHPVEI120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

DE 198 18 620 A 1

TLTAHEGRGG KCTEEDASQ QEGCTLGSDP ICLSE3QVSE EQEEMGCQSS AAQATASVNA 60
EEIKVARIHE CQWVVEDAPN PDVLLSHKDD VKEG2GGQ2S FFELPSEL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60
GLEHPPPTD THEYGLP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSÄEYT QNCHPTVFSV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNFL VTACMQPLSV120
PL 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEHTYESEV KLRCLEGYTM DTDFTFTCQ KDGRWFPERI 60
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSVMRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVCOEN RQWSGGVAIC180
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHVPVLPCKP240
NPCVPFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIKC REGFLQGHG IITCNPDETW TQTSKCEKI300
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWS PPICRAVCRF360
PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLECEPIC ILPCLNGGRC VAPYQCDCPP GWTGSRCHTA420
VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCB RKRRTGF 457

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPFRQP 60
RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQKQVQV QLQQAEPQK120
QVQVQVQVQA HSQGPQVQV QLQQAEPQKQV QVQVQVQVQA TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180
TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

```
GRAGRRTMF SQQQQQQLQQ QQQQLQQLOQ QQLQQQQLOQ QQLLQLQQLL QQSPPQARCH 60
GVSGGPPQQP QQPLLNLQGT NSASLLNGSM RQRALLLQQL QGLDQFAMPP ATYDTAGLTM120
PTATLGNLRG YGMASPGLA PSLTPPQLAT PNLQQFFPQA TRQSLLGPPP VGVPMPNPSQF180
NLSGRNPQKQ ARTSSSTTPN RKDSSSQTMP VEDKSDPPEG SEEAAEPRMD TPEDQDLPPC240
PEDIAKEKRT PAPEPEPCEA SELPAKRLRS SEEPTEKEPP GOLQVKAQPQ AG 292
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

```
PRRLPSVAVG MVRPAVSIVA GGIANWSSPC NCCKSKALCR MEPLRREAEL VPWRFRSGCC 60
GCCGGPPLTP WQRACGGDCW SSCWSCSNCC CCNCCCWSCC CCNCWSCCCC CWSCCCCCWL120
NMVARLPARP QRSSRPBGWA GPAAPTPRPG GSGPRAPGLP AATPGPVGS 169
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRFEPGLG 60
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRCLCPHAE GQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60
ARAPAGAOTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSGAG PEGWGHWP 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQOV LGLLWRPRRL SKLPVDHLQ SSPRSLAELG 60
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPQGQLTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120
LAPRÖSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180
STVLFCF 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGQSRRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHPM SVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60
NLMGPPEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDASFLI FLKTVCFCGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTORQL NKEKENFKYQ VLSNISQTSO FIKGLPANKV HPKYTGKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRFCYMPD MPLTRFWRT NSPRMTRRHS HVICIESYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

KPTKHRCCQH PKKYRYLNPN IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRLCP 60
LPQPSHPHSL RKVTYPQHSI CRQVPPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSENPPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIIQVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60
YAHYHSPATP TASGKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRPDIK120
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60
MLEKESCLQQ IKIQQLLEVL SPTGRQGEKE EHKWGEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120
SEEMQRARTT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180
KMQKTQVKCR KILTKMKQQG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60
EALGQAPCHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQOPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120
SWSGFCGISP AFSAFSECSF SSLRSHPPAL GASDR 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LOLLQAALLL QHGH 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TASTLRAVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120
CCYNCGKPGH LARDCDHADE QKCYSCGEFG HIQKDCTKVK CYRCGETGHV AINCSKTSEV180
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

LATAVTVDFT CLAAVDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFL LIC MVAVTSQMAW 60
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120
ETSATASHST TTA STSRTP GPVARSSTLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
GSQGRGCLF 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

- (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLPV TMSYTGFEVQG SETTLQSTYS DTSAQPTCDY 60
 GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120
 SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSYG ERYDSYESCD SRAVLSEDL YRSGYDYSEL180
 DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWADARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240
 QCMMSGASRLA LPLLPEHHPV VRHVPGACEV GAPSRASRF GFRVWQWHEA DEGLGLRRGP300
 QFICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAAALLTGS I RMPPCFLEFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60
 PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSCH PGPSVPWDR120
 RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQQAARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTFLHLS180
 RTRLLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60
TARGQAGSSS AMAAQRLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTY KYDRRELQRR120
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEEER SRKIQGLLKS CGKPVDFIQ180
ELLAKLQGLH RQFGLRQSP SHDGSLSPLQ DRARTAHF 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVPASGR HNLSKVQGM L ARKGGILDCC 60
LLSEPSPTPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSME ALNPNSQRRS ECIFHHAAAG60
CWPRFCVFSQ PSEITSFLVA VTNSSWTMTK LIYFPI 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFFPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGWLEKEV FWIAASSQNP 60
LLPHSLPPGV FFPNLSLYLT SLHQKASGNL FRVSVWEKQ QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120
YSGIVGPDDW HSDSQLWFE NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMVV LNVNKALIYL180
WHGCKAQHT KEVGRTAANK IKEQCPLEAG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFD ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLOYCKGK NLKKPAPKSY360
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCDSL DVLSVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGW FLEIFSFAYL 60
EHSLSHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEGHGT120
DHRGSGSRVH KLCGCKIPRG AAEDQAGRE VKTSRILKHA IVGFPVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPSEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQQIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPPL120
TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPHRVLS180
LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDINGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYYFLSYGFW60
FTGLRGFSEY LWPQHTQFP S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTLEFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60
A 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

PPDFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSPVYN LIEMRK 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGDYDAFFEA RENNAVYAFL120
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLELL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPI3FFAKLI LLEFYKSNQDS FFRMLKQCL RFMLAALLAL60
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHHSP RDTGFH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNIIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLQVFL WNMDKYTMIR KLEGHHDVV 60
ACDFSPDGAL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTPIFAGGAN DRWVRSVSFS120
HDGLHVASLA DDKMVF.FWRI DEDYPVQVAP LSNGLCFAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180
PFQVPSLQHL CFMSIFRVMP TQEVQELPIP SKLEFLSYR I 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60
LENECKTENK GKTGDEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60
 LPEYKLLAF SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHCVRVPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120
 AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24–127.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1–127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128-390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128-390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden können. 10
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen tumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen tumor. 15
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128-390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

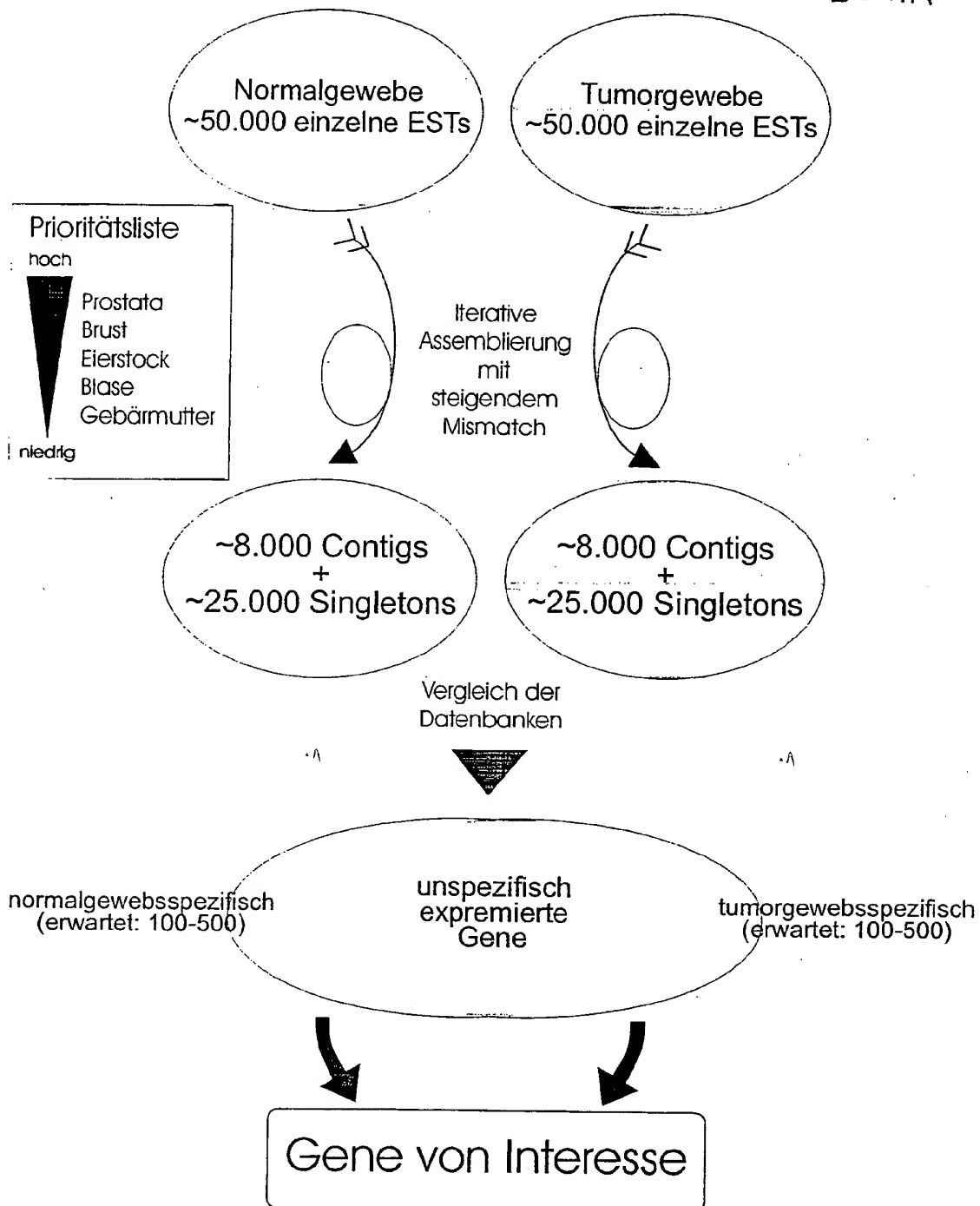
Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Daten-
bank

Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

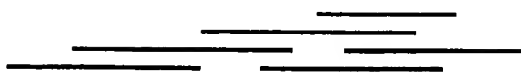
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



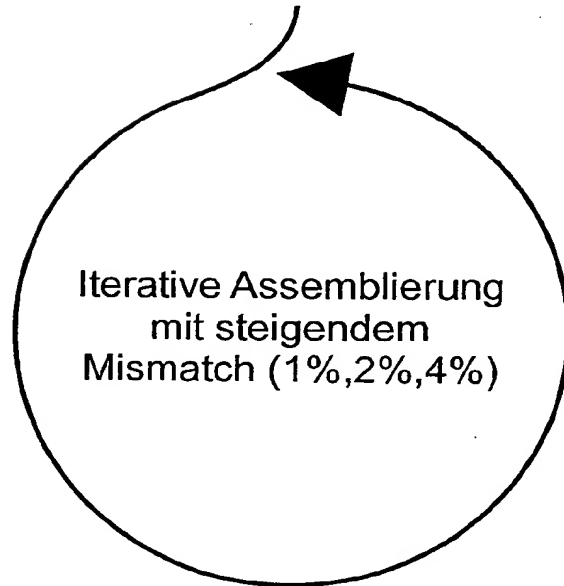
Contigs



Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

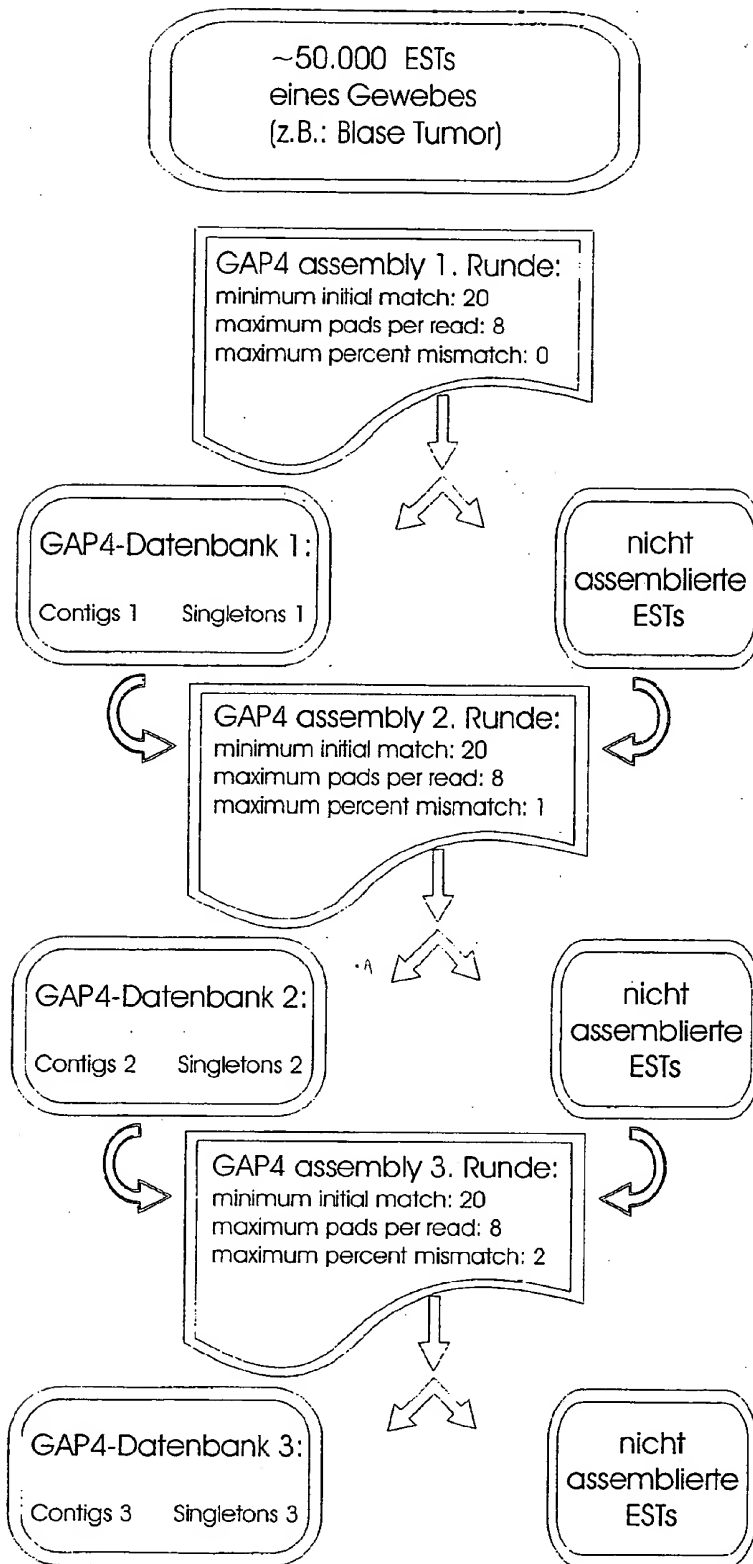


Fig. 2b1

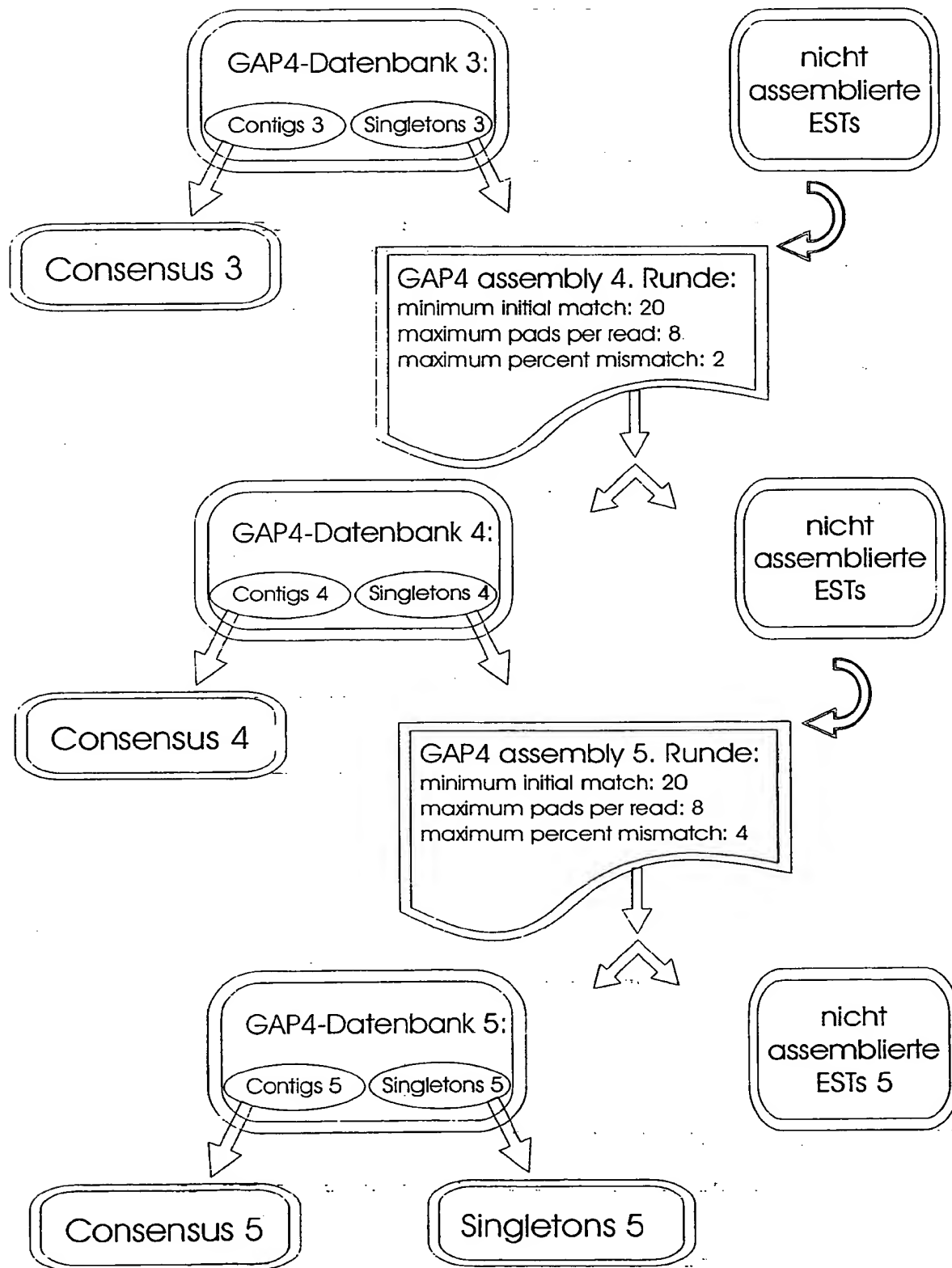


Fig. 2b2

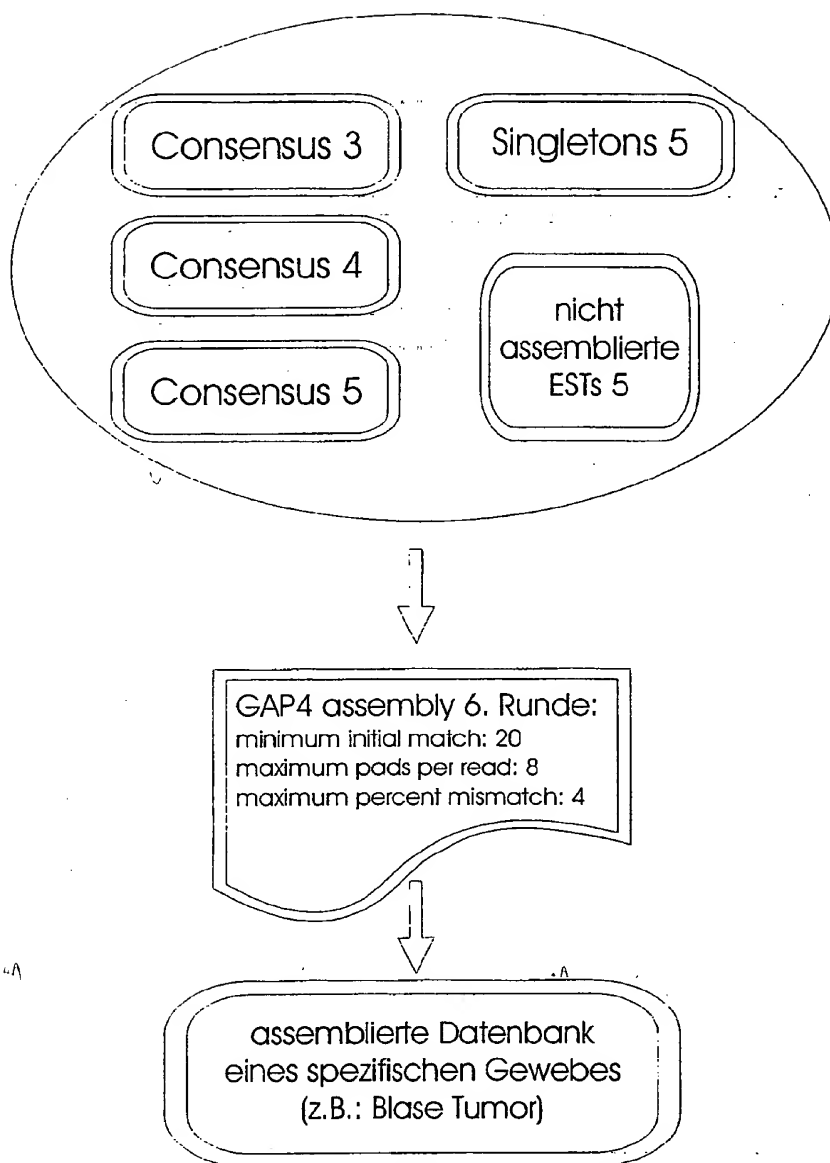


Fig. 2b3

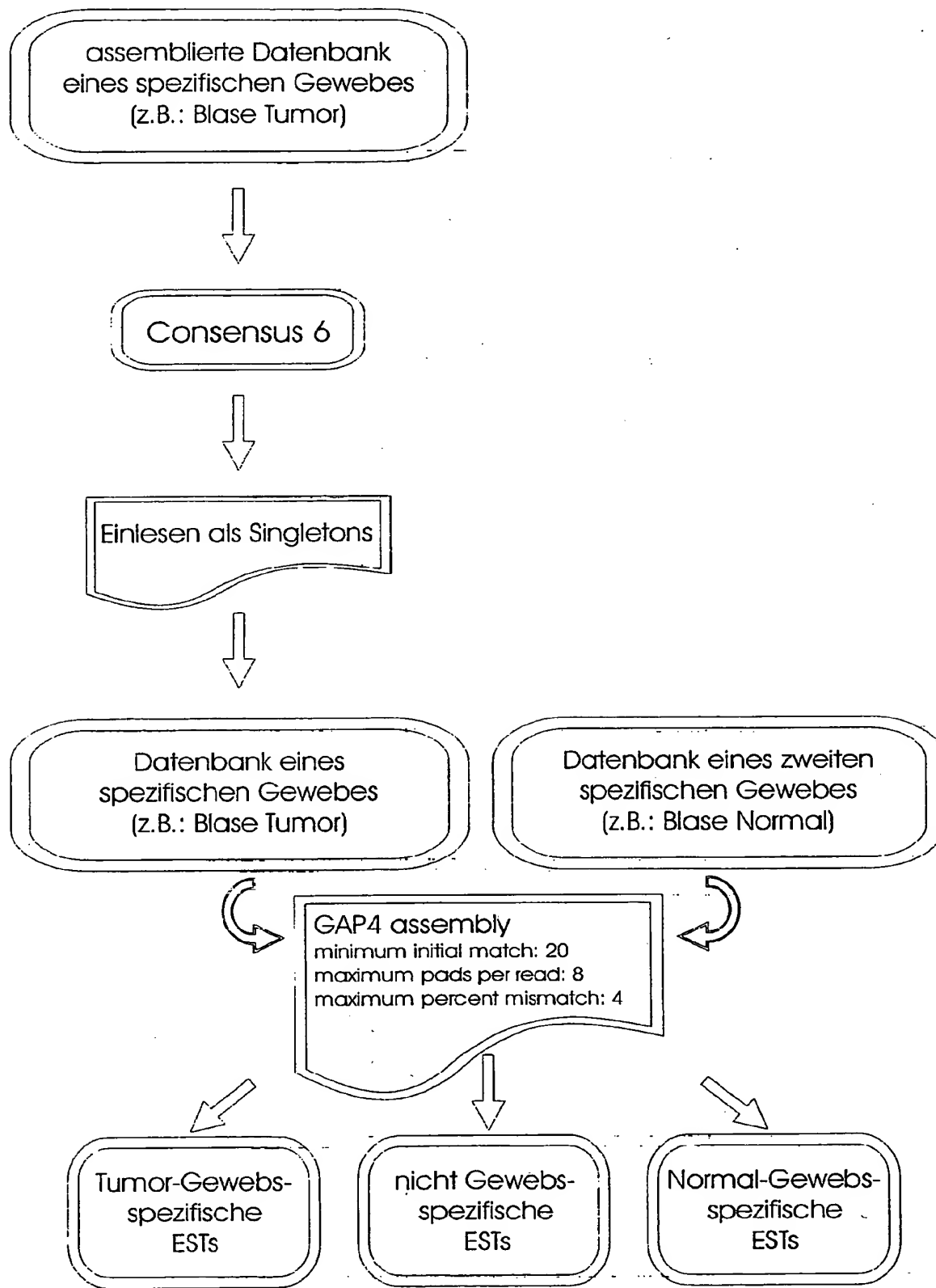


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

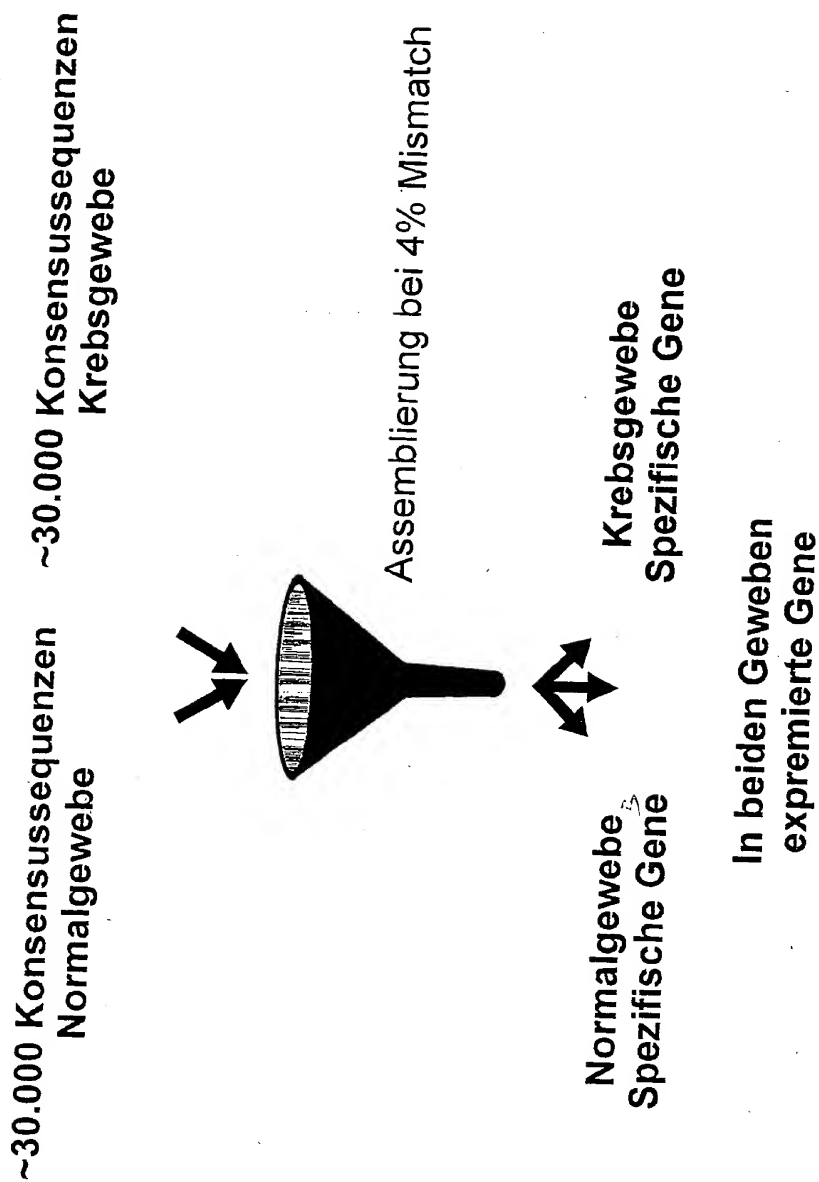
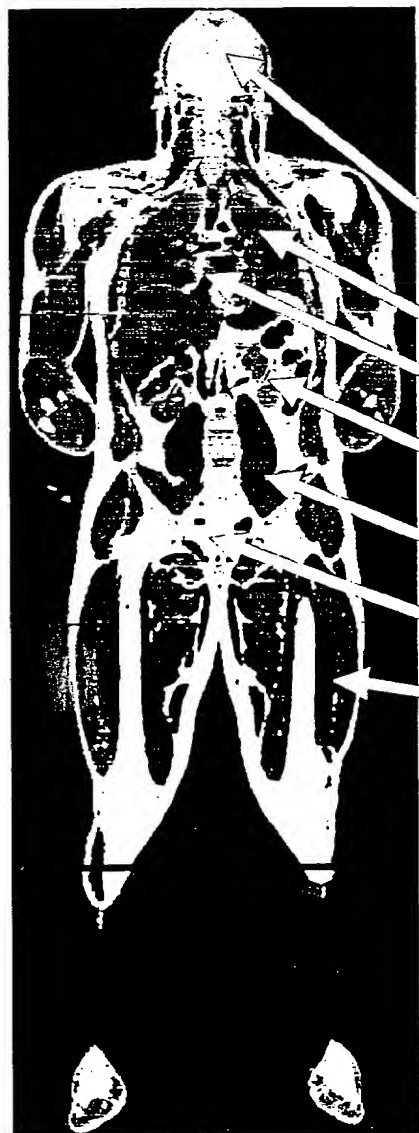


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

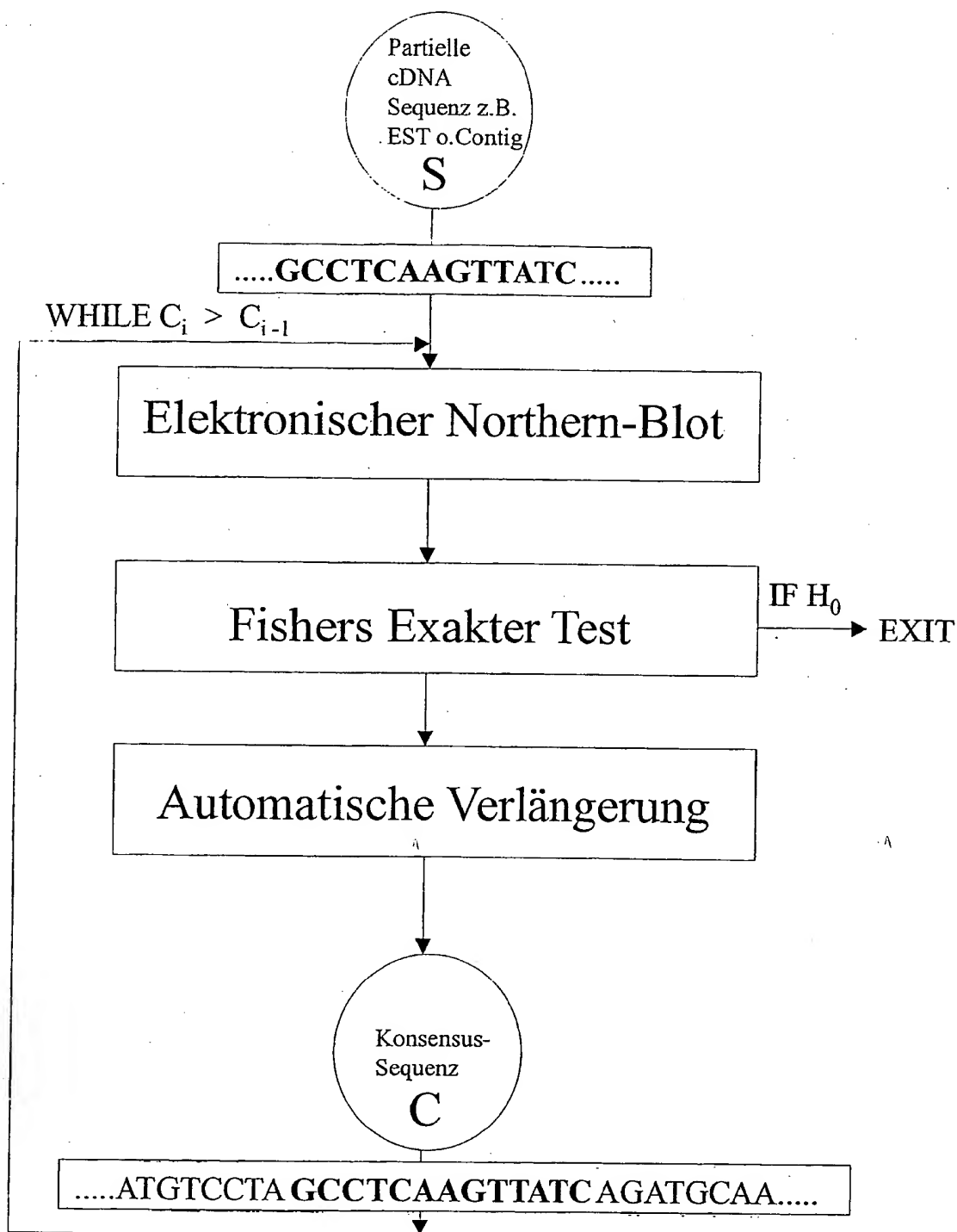


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5